

PCTWELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales BüroINTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation ⁶ : C12N 15/00		A2	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/54447 (43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 28. Oktober 1999 (28.10.99)
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01170 (22) Internationales Anmeldedatum: 15. April 1999 (15.04.99)		(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).	
(30) Prioritätsdaten: 198 18 619.3 21. April 1998 (21.04.98) DE		Veröffentlicht <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i>	
(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).			
(72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönefeld (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).			

(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES OF BLADDER TUMOUR TISSUE**(54) Bezeichnung:** MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS BLASENTUMORGEWEBE**(57) Abstract**

The invention relates to human nucleic acid sequences (mRNA, cDNA, genomic sequences) of bladder tumour tissue, coding for genetic products or parts thereof, in addition to the use thereof. The invention also relates to the polypeptides obtained according to said sequences and to the use thereof.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Blasentumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Blasentumorgewebe

5 Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Blasentumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung. Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

10 Eine der Hauptkrebstodesursachen ist der Blasentumor, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

15 Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine 20 Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die 25 experimentelle Herangehensweise sehr.

30 Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 35 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der 40 cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit 45 die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

50 Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen

Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

5 Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-50, 107, 108 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Blasentumor eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2, 3, 5-9, 11, 12, 16, 18, 20, 26, 36, 45, 107, 108.

10

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

15 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2, 3, 5-9, 11, 12, 16, 18, 20, 26, 36, 45, 107, 108.

20 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

25 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

30 Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 2, 3, 5-9, 11, 12, 16, 18, 20, 26, 36, 45, 107, 108 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

35 Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-50, 107, 108, die im Blasentumorgewebe erhöht exprimiert sind.

40 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No 2-50, 107, 108 hybridisieren.

45 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

50 Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID No 2-50, 107, 108 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor,

kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

5 In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, φX174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia),

10 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 15 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda PR, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein 20 Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

25 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

30 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

35 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

40 Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

45 Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. 50 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilesequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID No 51-106, 109-114.

5 Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID No 51-106, 109-114 aufweisen.

10 Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 2-50, 107, 108 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

15 Die erfindungsgemäßen Antikörper können u.a. durch ein Phage Display Verfahren identifiziert werden. Auch diese Antikörper sind Gegenstand der Erfindung.

20 Die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen können in einem Phage Display Verfahren verwendet werden. Die mit diesem Verfahren identifizierten Polypeptide, die an die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen binden, sind auch Gegenstand der Erfindung.

Ebenso können die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen in einem Phage Display Verfahren verwendet werden.

25 Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID No 51-106, 109-114 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasentumor verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

30 Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 2-50, 107, 108 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasentumor verwendet werden können.

35 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 51-106, 109-114 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Blasentumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Blasentumor.

40 Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 51-106, 109-114 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

45 Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 2-50, 107, 108, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID No 2-50, 107, 108 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der 5 Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone 10 können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 2-50, 107, 108, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

5 Nukleinsäuren= Unter Nukleinsäuren sind in der voliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollängen cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

10 ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

15 10 Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)

15 Singleton= ein Contig, der nur eine Sequenz enthält

20 Modul = Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt

20 N = wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C

X = wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

25 Erklärung zu den Alignmentparametern

30 minimal initial match= minimaler anfänglicher Identitätsbereich

maximum pads per read= maximale Anzahl von Insertionen

30 maximum percent mismatch= maximale Abweichung in %

35 Erklärung der Abbildungen

40 Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.

40 Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung

45 Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung

45 Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

50 Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.

50 Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern

Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Gembereiche darstellten.

30

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Blasengewebs ESTs.

35

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

40

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

45

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

Beispiel 2**Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster**

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

10

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

25

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 16 gefunden, die 17,7 x stärker im normalen Blasentumorgewebe als im normalem Blasengewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

35 **Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16**

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
40	Blase	0.0039	0.0690	0.0565	17.6998
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0078	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
45	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
50	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
55	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef

	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0064	1.0236	0.9769
5	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0000			
10	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS			
15		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
20	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
25	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
30	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
35	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
45	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northerns gefunden:

50 Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
55	Blase	0.0000	0.0307	0.0000 undef
	Brust	0.0307	0.0376	0.8166 1.2245
	Duenndarm	0.0337	0.0165	2.0391 0.4904
	Eierstock	0.0120	0.0364	0.3289 3.0402
60	Endokrines_Gewebe	0.0255	0.0075	3.3962 0.2944
	Gastrointestinal	0.0153	0.0185	0.8283 1.2072
	Gehirn	0.0185	0.0216	0.8571 1.1667
	Haematopoetisch	0.0201	0.0379	0.5293 1.8892
	Haut	0.0844	0.0000	undef 0.0000
65	Hepatisch	0.0238	0.0065	3.6765 0.2720
	Herz	0.0148	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0575	0.0351	1.6399 0.6098
	Lunge	0.0145	0.0082	1.7781 0.5624
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0077	5.0421 0.1983

	Muskel-Skelett	0.0308	0.0300	1.0280	0.9728
	Niere	0.0217	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0099	0.0110	0.8974	1.1143
	Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000
5	Prostata	0.0262	0.0213	1.2284	0.8141
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0408	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0954	0.2135	4.6839
	Brust-Hyperplasie	0.0512			
10	Prostata-Hyperplasie	0.0268			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0286			
15	Zervix	0.0106			
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
20	Gastrointestinal	0.0305			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
25	Herz-Blutgefaesse	0.0213			
	Lunge	0.0289			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0121			
30	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
35	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
40	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0488			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0463			
	Lunge	0.0164			
45	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0256	0.0000 undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000		
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		
40	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0000		
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000		
55	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
60	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0000		
65	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0204	0.0000 undef
	Brust	0.0026	0.0056	0.4537 2.2042
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0156	0.3838 2.6058
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal	0.0134	0.0093	1.4496 0.6898
	Gehirn	0.0052	0.0051	1.0079 0.9921
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241 0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711 1.7510
20	Niere	0.0190	0.0068	2.7756 0.3603
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0131	0.0043	3.0709 0.3256
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000		
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0083		
	Gehirn	0.0063		
40	Haematopoetisch	0.0079		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0000		
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
50	Sinnesorgane	0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0051		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0000		
60	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0082		
	Nerven	0.0050		
65	Prostata	0.0137		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5		Blase 0.0000	0.0204	0.0000 undef
		Brust 0.0038	0.0075	0.5104 1.9593
		Duendarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
		Eierstock 0.0060	0.0052	1.1513 0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799 0.9260
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef 0.0000
15	Herz	0.0042	0.0137	0.3084 3.2426
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0052	0.0143	0.3629 2.7557
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856 3.5020
20	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496 6.6857
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000 undef
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668 0.2970
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0353		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009		
	Zervix	0.0000		
35		FOETUS %Haeufigkeit		
		Entwicklung 0.0000		
		Gastrointenstinal 0.0000		
		Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch	0.0118		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0036		
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0124		
	Placenta	0.0242		
	Prostata	0.0000		
50	Sinnesorgane	0.0000		
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
55	Brust	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0245		
	Foetal	0.0151		
60	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0259		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0164		
	Nerven	0.0080		
65	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0250		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0179	0.0000 undef
	Brust	0.0038	0.0132	0.2917 3.4287
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513 0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698 5.8889
	Gastrointestinal	0.0019	0.0370	0.0518 19.3158
	Gehirn	0.0096	0.0051	1.8719 0.5342
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353 1.3600
15	Herz	0.0138	0.0137	1.0023 0.9977
	Hoden	0.0288	0.0468	0.6150 1.6261
	Lunge	0.0031	0.0143	0.2177 4.5929
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0153	2.5211 0.3967
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974 1.1143
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000 undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026		
	Zervix	0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0028		
	Gehirn	0.0751		
40	Haematopoetisch	0.0079		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0036		
	Lunge	0.0036		
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0061		
	Prostata	0.0499		
	Sinnesorgane	0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
	Brust	0.0068		
55	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0087		
60	Gastrointestinal	0.0122		
	Haematopoetisch	0.0114		
	Haut-Muskel	0.0097		
	Hoden	0.0540		
	Lunge	0.0082		
	Nerven	0.0201		
65	Prostata	0.0205		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0375		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0179	0.0000 undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403 2.9389
	Duenndarm	0.0123	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675 1.3029
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0100	0.6792 1.4722
	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142 2.4145
	Gehirn	0.0044	0.0144	0.3086 3.2409
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0031	0.0082	0.3810 2.6245
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0307	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567 1.1673
20	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0066	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0087	0.0064	1.3648 0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035		
	Zervix	0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0056		
	Gehirn	0.0000		
40	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0036		
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0061		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0204		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0608		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	- Foetal	0.0029		
60	Gastrointestinal	0.0244		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0097		
	Hoden	0.0154		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0080		
65	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0179	0.0000 undef
	Brust	0.0064	0.0056	1.1342 0.8817
	Duenndarm	0.0000	0.0165	0.0000 undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513 0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0025	6.1132 0.1636
	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283 1.2072
	Gehirn	0.0015	0.0051	0.2880 3.4724
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0037	0.0847	0.0433 23.0839
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839 1.0163
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161 0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930 1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123 8.9035
	Prostata	0.0065	0.0064	1.0236 0.9769
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043		
	Zervix	0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		
40	Haematopoetisch	0.0039		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0036		
	Lunge	0.0108		
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0062		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0499		
50	Sinnesorgane	0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0068		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0101		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0047		
60	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0114		
	Haut-Muskel	0.0194		
	Hoden	0.0309		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0040		
65	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0125		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208 0.9796
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170 0.3681
	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283 1.2072
	Gehirn	0.0000	0.0062	0.0000 undef
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000 undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540 3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605 0.7933
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930 1.2610
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000 undef
	Prostata	0.0065	0.0298	0.2193 4.5590
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0528	0.1280 7.8106
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223 0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0238		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026		
	Zervix	0.0106		
35	FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139		
	Gastrointenstinal	0.0194		
	Gehirn	0.0063		
40	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0260		
	Herz-Blutgefaesse	0.0071		
	Lunge	0.0108		
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0121		
	Prostata	0.0499		
50	Sinnesorgane	0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0557		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0076		
60	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0030		
65	Prostata	0.0137		
	Sinnesorgane	0.0387		
	Uterus_n	0.0042		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0075	0.2264 4.4166
	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000 undef
	Gehirn	0.0044	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000 undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000		
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0000		
	Gehirn	0.0125		
40	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0036		
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
50	Sinnesorgane	0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0245		
	Foetal	0.0023		
60	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0082		
	Nerven	0.0020		
65	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0039	0.0537	0.0726	13.7665
	Brust 0.0077	0.0207	0.3712	2.6940
	Duenndarm 0.0368	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0150	0.0078	1.9188	0.5212
10	Endokrines_Gewebe 0.0102	0.0100	1.0189	0.9815
	Gastrointestinal 0.0421	0.0093	4.5559	0.2195
	Gehirn 0.0118	0.0195	0.6063	1.6494
	Haematopoetisch 0.0174	0.0379	0.4587	2.1798
	Haut 0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0048	0.0518	0.0919	10.8799
15	Herz 0.0127	0.0275	0.4626	2.1618
	Hoden 0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge 0.0114	0.0061	1.8628	0.5368
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0460	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0154	0.0060	2.5700	0.3891
20	Niere 0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas 0.0050	0.0331	0.1496	6.6857
	Penis 0.0090	0.0533	0.1685	5.9357
	Prostata 0.0174	0.0192	0.9099	1.0990
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0064			
	Prostata-Hyperplasie 0.0238			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0251			
	Zervix 0.0106			
35	FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0167			
	Gehirn 0.0438			
40	Haematopoetisch 0.0118			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefaesse 0.0107			
	Lunge 0.0181			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0247			
	Placenta 0.0061			
	Prostata 0.0249			
50	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
	Brust 0.0408			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0101			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0087			
60	Gastrointestinal 0.0122			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0130			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0010			
65	Prostata 0.0068			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.2556	0.0763	13.1109
	Brust	0.0166	0.0357	0.4656	2.1477
	Duenndarm	0.0061	0.0662	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0389	0.0052	7.4832	0.1336
10	Endokrines_Gewebe	0.0392	0.0326	1.2017	0.8321
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0606	0.0122	81.9491
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.5085	0.0433	23.0839
15	Hepatisch	0.0238	0.0518	0.4596	2.1760
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0104	0.0041	2.5402	0.3937
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0600	0.0480	1.2493	0.8005
	Niere	0.0407	0.0068	5.9478	0.1681
	Pankreas	0.0198	0.0331	0.5983	1.6714
	Penis	0.0030	0.1066	0.0281	35.6140
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0405	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.1155	0.2641	3.7870
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0696			
	Gastrointestinal	0.3332			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.2202			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	1.6381			
	Herz-Blutgefaesse	0.0285			
	Lunge	0.1337			
45	Nebenniere	1.0903			
	Niere	0.6301			
	Placenta	0.6786			
	Prostata	0.0499			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0544			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1063			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.4264			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.2301	0.0847	11.7998
	Brust	0.0192	0.0113	1.7013	0.5878
	Duenndarm	0.0061	0.0331	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0180	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.1555	0.0219	45.6387
	Gastrointestinal	0.0000	0.0370	0.0000	undef
	Gehirn	0.0214	0.1561	0.1374	7.2801
	Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0197	0.0020	9.6527	0.1036
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.1320	0.0260	38.5221
	Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
	Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0475	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0417			
	Gastrointestinal	0.1361			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.1337			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.3380			
	Herz-Blutgefaesse	0.0249			
	Lunge	0.0578			
45	Nebenniere	0.5071			
	Niere	0.2594			
	Placenta	0.4120			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0612			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.1188			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0141			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0416			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0039	0.0383	0.1017	9.8332
	Brust 0.0077	0.0075	1.0208	0.9796
	Duenndarm 0.0061	0.0496	0.1236	8.0920
	Eierstock 0.0000	0.0130	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal 0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0042	0.0102	0.4064	2.4605
	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0528	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032			
	Prostata-Hyperplasie 0.0268			
	Samenblase 0.0267			
30	Sinnesorgane 0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0319			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0139			
	Gastrointestinal 0.0139			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0039			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefaesse 0.0000			
	Lunge 0.0036			
45	Nebenniere 0.0254			
	Niere 0.0062			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0204			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0203			
	Endokrines_Gewebe 0.0245			
	Foetal 0.0128			
	Gastrointestinal 0.0122			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0154			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0090			
65	Prostata 0.0068			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0256	0.1525	6.5555
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0052	4.0294	0.2482
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0031	1.1999	0.8334
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0020	3.5562	0.2812
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0488			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5		Blase 0.0117	0.0588	0.1990 5.0259
		Brust 0.0102	0.0094	1.0888 0.9184
		Duenndarm 0.0153	0.0331	0.4634 2.1579
		Eierstock 0.0539	0.0130	4.1445 0.2413
10		Endokrines_Gewebe 0.0187	0.0075	2.4906 0.4015
		Gastrointestinal 0.0134	0.0093	1.4496 0.6898
		Gehirn 0.0133	0.0123	1.0799 0.9260
		Haematopoetisch 0.0134	0.0000	undef 0.0000
		Haut 0.0147	0.0000	undef 0.0000
		Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000 undef
15		Herz 0.0170	0.0137	1.2336 0.8107
		Hoden 0.0173	0.0234	0.7380 1.3551
		Lunge 0.0062	0.0020	3.0482 0.3281
		Magen-Speiseroehre 0.0676	0.0000	undef 0.0000
		Muskel-Skelett 0.0171	0.0180	0.9518 1.0506
20		Niere 0.0109	0.0274	0.3965 2.5219
		Pankreas 0.0066	0.0110	0.5983 1.6714
		Penis 0.0269	0.0533	0.5054 1.9786
		Prostata 0.0327	0.0213	1.5354 0.6513
		Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef 0.0000
25		Uterus_Myometrium 0.0534	0.0000	undef 0.0000
		Uterus_allgemein 0.0306	0.0000	undef 0.0000
		Brust-Hyperplasie 0.0000		
		Prostata-Hyperplasie 0.0030		
		Samenblase 0.0000		
30		Sinnesorgane 0.0118		
		Weisse_Blutkoerperchen 0.0061		
		Zervix 0.0213		
35		FOETUS %Haeufigkeit		
		Entwicklung 0.0139		
		Gastrointestinal 0.0555		
		Gehirn 0.0000		
40		Haematopoetisch 0.0079		
		Haut 0.0000		
		Hepatisch 0.0260		
		Herz-Blutgefaesse 0.0071		
		Lunge 0.0253		
45		Nebenniere 0.0254		
		Niere 0.0000		
		Placenta 0.0485		
		Prostata 0.0000		
		Sinnesorgane 0.0000		
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
		Brust 0.0204		
55		Eierstock_n 0.0000		
		Eierstock_t 0.2430		
		Endokrines_Gewebe 0.0245		
		Foetal 0.0338		
		Gastrointestinal 0.0122		
60		Haematopoetisch 0.0171		
		Haut-Muskel 0.0680		
		Hoden 0.0077		
		Lunge 0.0000		
		Nerven 0.0151		
65		Prostata 0.0342		
		Sinnesorgane 0.0000		
		Uterus_n 0.1166		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0078	0.0332	0.2347 4.2611
	Brust	0.0153	0.0169	0.9074 1.1021
	Duenndarm	0.0092	0.0165	0.5561 1.7982
	Eierstock	0.0210	0.0130	1.6118 0.6204
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0150	0.5660 1.7667
	Gastrointestinal	0.0153	0.0231	0.6627 1.5090
	Gehirn	0.0185	0.0226	0.8181 1.2223
	Haematopoetisch	0.0227	0.0379	0.5999 1.6669
	Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451 4.0800
	Herz	0.0201	0.0137	1.4649 0.6827
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920 2.0326
	Lunge	0.0166	0.0164	1.0161 0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett	0.0137	0.0060	2.2844 0.4378
	Niere	0.0081	0.0274	0.2974 3.3626
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974 1.1143
	Penis	0.0180	0.0267	0.6739 1.4839
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142 1.6282
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0528	0.2561 3.9053
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0408	0.3741 2.6732
	Uterus_allgemein	0.0458	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0256		
	Prostata-Hyperplasie	0.0208		
	Samenblase	0.0178		
30	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061		
	Zervix	0.0106		
35	FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0417		
	Gastrointestinal	0.0167		
	Gehirn	0.0250		
40	Haematopoetisch	0.0079		
	Haut	0.2513		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0142		
	Lunge	0.0181		
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0242		
	Prostata	0.0249		
50	Sinnesorgane	0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0136		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0101		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0082		
60	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0292		
	Hoden	0.0077		
	Lunge	0.0164		
	Nerven	0.0110		
65	Prostata	0.0068		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0208		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0195	0.0690	0.2825 3.5400
	Brust	0.0166	0.0320	0.5204 1.9216
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0150	0.0130	1.1513 0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0100	0.8491 1.1778
	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071 4.8289
	Gehirn	0.0067	0.0442	0.1507 6.6362
	Haematopoetisch	0.0187	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0238	0.0194	1.2255 0.8160
	Herz	0.0625	0.1512	0.4135 2.4182
	Hoden	0.0345	0.0117	2.9518 0.3388
	Lunge	0.0322	0.0286	1.1249 0.8889
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0307	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0668	0.1260	0.5303 1.8857
20	Niere	0.0190	0.0342	0.5551 1.8014
	Pankreas	0.0050	0.1160	0.0427 23.3998
	Penis	0.0299	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0131	0.0170	0.7677 1.3026
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0528	0.1280 7.8106
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0204	1.4964 0.6683
	Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0208		
	Samenblase	0.0356		
30	Sinnesorgane	0.0588		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0319		
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0167		
	Gehirn	0.0000		
40	Haematopoetisch	0.0118		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0520		
	Herz-Blutgefaesse	0.0107		
	Lunge	0.0325		
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0494		
	Placenta	0.0909		
	Prostata	0.0000		
50	Sinnesorgane	0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0340		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0203		
	Endokrines_Gewebe	0.0490		
	Foetal	0.0297		
60	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0154		
	Lunge	0.0082		
	Nerven	0.0030		
65	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0273	0.0895	0.3051 3.2777
	Brust	0.0665	0.0808	0.8230 1.2151
	Duenndarm	0.0429	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0539	0.0234	2.3025 0.4343
10	Endokrines_Gewebe	0.0630	0.0978	0.6444 1.5518
	Gastrointestinal	0.0441	0.0324	1.3608 0.7348
	Gehirn	0.0554	0.1006	0.5510 1.8149
	Haematopoetisch	0.0454	0.0379	1.1998 0.8335
	Haut	0.0257	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0381	0.0453	0.8403 1.1900
	Herz	0.0435	0.0825	0.5268 1.8981
	Hoden	0.0575	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.1008	0.0552	1.8252 0.5479
	Magen-Speiseroehre	0.0580	0.0997	0.5818 1.7188
	Muskel-Skelett	0.0976	0.0660	1.4797 0.6758
20	Niere	0.0516	0.0890	0.5795 1.7255
	Pankreas	0.0248	0.0773	0.3205 3.1200
	Penis	0.0599	0.1066	0.5616 1.7807
	Prostata	0.0567	0.0766	0.7393 1.3527
25	Uterus_Endometrium	0.0405	0.1055	0.3841 2.6035
	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0475	1.1223 0.8911
	Uterus_allgemein	0.0866	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0416		
	Prostata-Hyperplasie	0.0654		
	Samenblase	0.0712		
30	Sinnesorgane	0.0823		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1110		
	Zervix	0.0319		
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139		
	Gastrointestinal	0.0361		
	Gehirn	0.0125		
40	Haematopoetisch	0.0433		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0071		
	Lunge	0.0253		
45	Nebenniere	0.0254		
	Niere	0.0432		
	Placenta	0.0364		
	Prostata	0.0499		
50	Sinnesorgane	0.0126		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
55	Brust	0.1020		
	Eierstock_n	0.1595		
	Eierstock_t	0.0709		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0635		
60	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0114		
	Haut-Muskel	0.0680		
	Hoden	0.0463		
	Lunge	0.0328		
	Nerven	0.0351		
65	Prostata	0.0342		
	Sinnesorgane	0.0464		
	Uterus_n	0.0083		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0639	0.3051	3.2777
	Brust	0.0345	0.0470	0.7350	1.3606
	Duerndarm	0.0399	0.1985	0.2008	4.9797
	Eierstock	0.0150	0.0676	0.2214	4.5168
10	Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0878	0.2717	3.6805
	Gastrointestinal	0.0862	0.1064	0.8103	1.2341
	Gehirn	0.0067	0.0277	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0587	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0190	0.0323	0.5882	1.7000
	Herz	0.0011	0.0962	0.0110	90.7941
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0164	0.3810	2.6245
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.3450	0.1120	8.9248
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0360	0.0000	undef
20	Niere	0.0760	0.1643	0.4626	2.1617
	Pankreas	0.0677	0.0276	2.4530	0.4077
	Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9357
	Prostata	0.0109	0.0255	0.4265	2.3446
25	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0272	0.2806	3.5642
	Uterus_allgemein	0.0000	0.4771	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0576			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.1068			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0319			
35	FOETUS %Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0813			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
60	Gastrointestinal	0.4149			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0573			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5		Blase 0.0117	0.0383	0.3051 3.2777
		Brust 0.0179	0.0207	0.8661 1.1546
		Duendarm 0.0245	0.0165	1.4830 0.6743
		Eierstock 0.0329	0.0156	2.1106 0.4738
10	Endokrines_Gewebe	0.0221	0.0326	0.6792 1.4722
	Gastrointestinal	0.0153	0.0139	1.1045 0.9054
	Gehirn	0.0296	0.0288	1.0285 0.9723
	Haematopoetisch	0.0187	0.0379	0.4940 2.0241
	Haut	0.0257	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676 2.7200
	Herz	0.0201	0.0550	0.3662 2.7306
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920 2.0326
	Lunge	0.0218	0.0225	0.9699 1.0311
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0383	1.0084 0.9916
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0240	0.7139 1.4008
20	Niere	0.0190	0.0068	2.7756 0.3603
	Pankreas	0.0116	0.0221	0.5235 1.9102
	Penis	0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0327	0.0319	1.0236 0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000 undef
	Uterus_allgemein	0.0560	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032		
	Prostata-Hyperplasie	0.0208		
	Samenblase	0.0178		
30	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0260		
	Zervix	0.0000		
35		FOETUS %Haeufigkeit		
		Entwicklung 0.0000		
		Gastrointenstinal 0.0139		
		Gehirn 0.0313		
40	Haematopoetisch	0.0039		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgeesse	0.0071		
	Lunge	0.0217		
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0424		
	Prostata	0.0249		
	Sinnesorgane	0.0000		
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
		Brust 0.0408		
55	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0405		
	Endokrines_Gewebe	0.0245		
	Foetal	0.0087		
60	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0057		
	Haut-Muskel	0.0097		
	Hoden	0.0231		
	Lunge	0.0082		
	Nerven	0.0251		
65	Prostata	0.0205		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0125		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5		Blase 0.1170	0.3067	0.3814 2.6222
		Brust 0.3019	0.2387	1.2646 0.7908
		Duendarm 1.1559	0.0000	undef 0.0000
		Eierstock 0.0120	0.0676	0.1771 5.6460
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0125	0.2717 3.6805
	Gastrointestinal	1.2798	0.1804	7.0940 0.1410
	Gehirn	0.0007	0.0380	0.0195 51.3918
	Haematopoetisch	0.4785	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.1322	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0285	0.4594	0.0621 16.0932
	Herz	0.0138	0.0275	0.5011 1.9955
	Hoden	0.0000	0.2456	0.0000 undef
	Lunge	0.3625	0.3435	1.0554 0.9475
	Magen-Speiseroehre	0.0483	0.1533	0.3151 3.1733
	Muskel-Skelett	0.2124	0.0480	4.4260 0.2259
20	Niere	0.0163	0.1917	0.0850 11.7691
	Pankreas	0.1074	0.4528	0.2371 4.2171
	Penis	0.0000	0.0533	0.0000 undef
	Prostata	0.0806	0.0255	3.1562 0.3168
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.3805		
	Prostata-Hyperplasie	0.0505		
	Samenblase	0.0356		
30	Sinnesorgane	0.5175		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078		
	Zervix	0.0213		
35		FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		
40	Haematopoetisch	0.0039		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0000		
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0303		
	Prostata	0.0000		
50	Sinnesorgane	0.0000		
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit		
55	Brust	0.7687		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.1924		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0029		
60	Gastrointestinal	0.0976		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0328		
	Nerven	0.0020		
65	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5		Blase 0.0624	0.1380	0.4520 2.2125
		Brust 0.0345	0.0564	0.6125 1.6327
		Duendarm 0.0491	0.0165	2.9659 0.3372
		Eierstock 0.0689	0.0520	1.3239 0.7553
10	Endokrines_Gewebe	0.0392	0.0276	1.4202 0.7041
	Gastrointestinal	0.0460	0.0648	0.7100 1.4084
	Gehirn	0.0333	0.0678	0.4909 2.0372
	Haematopoetisch	0.0374	0.0758	0.4940 2.0241
	Haut	0.0257	0.1695	0.1516 6.5954
15	Hepatisch	0.1142	0.0518	2.2059 0.4533
	Herz	0.0774	0.7010	0.1104 9.0616
	Hoden	0.2589	0.1520	1.7030 0.5872
	Lunge	0.0540	0.0491	1.1007 0.9085
	Magen-Speiseroehre	0.1256	0.2070	0.6069 1.6477
	Muskel-Skelett	0.1542	0.2100	0.7343 1.3619
20	Niere	0.0109	0.0959	0.1133 8.8268
	Pankreas	0.0198	0.1270	0.1561 6.4071
	Penis	0.0359	0.0800	0.4493 2.2259
	Prostata	0.0785	0.0511	1.5354 0.6513
25	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0528	0.6402 1.5621
	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0679	0.6734 1.4851
	Uterus_allgemein	0.0764	0.0954	0.8006 1.2490
	Brust-Hyperplasie	0.0224		
	Prostata-Hyperplasie	0.0624		
	Samenblase	0.0445		
30	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0529		
	Zervix	0.0532		
35			FOETUS	
			%Haeufigkeit	
		Entwicklung	0.0139	
		Gastrointestinal	0.0167	
		Gehirn	0.0000	
40		Haematopoetisch	0.0039	
		Haut	0.0000	
		Hepatisch	0.0000	
		Herz-Blutgefaesse	0.0249	
		Lunge	0.0108	
45		Nebenniere	0.0000	
		Niere	0.0000	
		Placenta	0.3333	
		Prostata	0.1995	
50		Sinnesorgane	0.0000	
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
			%Haeufigkeit	
55		Brust	0.1156	
		Eierstock_n	0.0000	
		Eierstock_t	0.1873	
		Endokrines_Gewebe	0.0000	
		Foetal	0.0181	
60		Gastrointestinal	0.0000	
		Haematopoetisch	0.0057	
		Haut-Muskel	0.0486	
		Hoden	0.0000	
		Lunge	0.0328	
		Nerven	0.0020	
65		Prostata	0.0274	
		Sinnesorgane	0.0155	
		Uterus_n	0.0541	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5		Blase 0.0546	0.1099	0.4967 2.0135
		Brust 0.0563	0.0489	1.1517 0.8683
		Duendarm 0.1380	0.0331	4.1708 0.2398
		Eierstock 0.0599	0.0650	0.9210 1.0858
10	Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0351	0.6792 1.4722
	Gastrointestinal	0.1322	0.1804	0.7328 1.3647
	Gehirn	0.0229	0.0452	0.5072 1.9714
	Haematopoetisch	0.0241	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.1689	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0285	0.0518	0.5515 1.8133
15	Herz	0.1166	0.1649	0.7067 1.4150
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839 1.0163
	Lunge	0.1070	0.1329	0.8050 1.2422
	Magen-Speiseroehre	0.1450	0.0613	2.3635 0.4231
	Muskel-Skelett	0.0685	0.0240	2.8555 0.3502
20	Niere	0.0570	0.0753	0.7570 1.3210
	Pankreas	0.0165	0.1491	0.1108 9.0256
	Penis	0.0779	0.0267	2.9202 0.3424
	Prostata	0.0610	0.0255	2.3885 0.4187
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0991	0.0340	2.9179 0.3427
	Uterus_allgemein	0.0509	0.1908	0.2669 3.7471
	Brust-Hyperplasie	0.0064		
	Prostata-Hyperplasie	0.0386		
	Samenblase	0.0801		
30	Sinnesorgane	0.0588		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0616		
	Zervix	0.1810		
35		FOETUS %Haeufigkeit		
		Entwicklung 0.0139		
		Gastrointenstinal 0.0194		
		Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch	0.0275		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0142		
	Lunge	0.0145		
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0247		
	Placenta	0.0364		
	Prostata	0.0499		
50	Sinnesorgane	0.0000		
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
55	Brust	0.0068		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0101		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0064		
60	Gastrointestinal	0.0976		
	Haematopoetisch	0.0057		
	Haut-Muskel	0.0259		
	Hoden	0.0309		
	Lunge	0.1802		
65	Nerven	0.0050		
	Prostata	0.0274		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0125		

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 107

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.1723	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0390	0.3478	0.1121	8.9184
	Brust	0.0255	0.0379	0.6726	1.4868
	Dickdarm	0.0019	0.0057	0.3364	2.9727
	Duenndarm	0.0082	0.0426	0.1932	5.1750
10	Eierstock	0.0564	0.0167	3.3775	0.2961
	Endokrines_Gewebe	0.0642	0.0408	1.5745	0.6351
	Gehirn	0.0017	0.0878	0.0198	50.5522
	Haut	0.0220	0.2366	0.0931	10.7394
	Hepatisch	0.0279	0.0571	0.4883	2.0479
15	Herz	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0281	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0117	0.0092	1.2629	0.7918
	Magen-Speiseroehre	0.0362	0.0064	5.6677	0.1764
	Muskel-Skelett	0.0822	0.0443	1.8555	0.5389
20	Niere	0.0425	0.0096	4.4103	0.2267
	Pankreas	0.0297	0.0442	0.6731	1.4857
	Prostata	0.0019	0.0039	0.4823	2.0732
	T_Lymphom	0.0328	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0369	0.1196	0.3089	3.2370
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0160			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0696			
	Gastrointestinal	0.4665			
	Gehirn	0.0000			
35	Haematopoetisch	0.2949			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	1.6385			
	Herz-Blutgefaesse	0.0605			
	Lunge	0.1915			
40	Nebenniere	1.2684			
	Niere	0.8279			
	Placenta	0.7938			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0680			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
50	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1165			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.4743			
	Gastrointestinal	0.0000			
55	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
60	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0030			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0676			
	Prostata_n	0.0061			
65	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 108

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0351	0.1833	0.1915	5.2225
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0208	0.0143	1.4517	0.6888
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0132	0.0365	0.3618	2.7643
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
35	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
40	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
50	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
55	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
60	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
65	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

15 Beispiel 3

20 Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
- 30 3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen

35 Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

45 Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplett oder annähernd komplett Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

50 Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Blasentumorgewebe gefunden werden.

5 Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

10

Beispiel 4

15

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

20

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview" -Programms der Genome Database (GDB), (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.

25

Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sonder ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der 30 Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

Beispiel 5**Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klone)**

5 Die die entsprechenden cDNA enthaltenen genomischen BAC-Klone (<http://www.tree.caltech.edu/>; Shizuya, H., B. Birren, U-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak, Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797) wurden mit der Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei dieser Prozedur wird eine Bibliothek bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom)

10 in ein bestimmtes Raster gebracht, so daß die DNA dieser Klone mit einer spezifischen PCR untersucht werden kann. Dabei erfolgt ein "Poolen" der DNA verschiedener BAC-Klone. Durch eine kombinatorische Analyse ist es möglich die Klone zu bestimmen, die die gesuchte DNA enthalten. Durch das Festlegen der Klone kann die Adresse der Klone in der Bibliothek bestimmt werden. Diese Adresse zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest.

15 Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen BAC-Klone ohne, diese darauf zu beschränken.

Die verwendete Bibliotheken waren CITB B und CITB C:

20

Seq. ID Nr.	Identifizierte BACs		
20	278/I/11	364/N/4	552/B/17

TABELLE I

Sequenz ID No.	Expression	Funktion	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
2	In Blasentumor überexprimiert	unbekannt	1q12	D1S453- D1S498
3	In Blasentumor überexprimiert	unbekannt	19q13.2	D19S211- D19S412
5	In Blasentumor überexprimiert	unbekannt	6p21.1	D6S1540- D6S1018
6	In Blasentumor überexprimiert	unbekannt	5p14.3-p12	D5S426- D5S455
7	In Blasentumor überexprimiert	Hyaluronectin	17q25.1-q25.3	D17S1351- D17S1839
8	In Blasentumor überexprimiert	unbekannt	20p11.21- q11.21	D20S180- D20S111
9	In Blasentumor überexprimiert	unbekannt	15q23-q24.1	D15S197- D15S215
11	In Blasentumor überexprimiert	unbekannt	19q13.2-q13.33	D19S412- D19S418
12	In Blasentumor überexprimiert	unbekannt	14q24.1	D14S63- D14S251
16	In Blasentumor überexprimiert	PSCA	8p12-q24.3	
17	In Blasentumor überexprimiert	Cofilin		
18	In Blasentumor überexprimiert	H19		
19	In Blasentumor überexprimiert	IGF-2	11p15.3-p15.5	D11S4046- D11S1338
20	In Blasentumor überexprimiert	unbekannt	1p34.3-p36.11	D1S247- D1S255
26	In Blasentumor überexprimiert	Homolog zu GADD34 aus Hamster	19q13.31- q13.32	D19S219- D19S412
34	In Blasentumor überexprimiert	Hsp27	7q11.23	D7S672- D7S675
36	In Blasentumor überexprimiert	unbekannt	3p25.1	

Sequenz ID No.	Expression	Funktion	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
40	In Blasentumor überexprimiert	Biglycan		
42	In Blasentumor überexprimiert	SAP-MU-9	10q21.1-q22.1 6q26-q27	D10S561 D6S281
43	In Blasentumor überexprimiert	CD24		
45	In Blasentumor überexprimiert	Unbekannt	17p12-p13.2	D17S796- D17S786
46	In Blasentumor überexprimiert	Protein Tro alpha1	14q32.31- q32.33	D14S272- D14S292
48	In Blasentumor überexprimiert	TIMP-1	Xp11.4-p11.23	DXS1201- DXS1039
50	In Blasentumor überexprimiert	Calcyclin		
107	In Blasentumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No.: 18		
108	In Blasentumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No.: 16		

TABELLE II

DNA-Sequenz ID No.:	Peptid-Sequenz ID No.:
2	51 52 53
3	54 55 56
5	60 61 62
6	109 110
7	63 64 65
8	66
9	67 68 69
11	73 74 75
12	76 77 78
16	82 83 84
18	85 86 87 88
20	89 90 91
26	94 95
36	101 102 103
45	104 105 106
107	111 112
108	113 114

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-50, 107, 108 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No 51-106, 109-114 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll**(1) ALLGEMEINE INFORMATION:**

5 (i) ANMELDER:
(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
(B) STRASSE: Ihnestrasse 63
(C) STADT: Berlin
(E) LAND: Deutschland
10 (F) POST CODE (ZIP): D-14195
(G) TELEFON: (030)-8413 1673
(H) TELEFAX: (030)-8413 1674

15 (ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus
Blasentumorgewebe

20 (iii) Anzahl der Sequenzen: 72

25 (iv) COMPUTER READABLE FORM:
(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
(B) COMPUTER: IBM PC compatible
(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1926 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

50 ttgcgatggc tcatggactg tggctctcta accaaaggac cctaggggc tcaacaattg 60

tcaagagcag ttgggtggttc tgaatacaat cctcagccaa ggatccctcc tgggttacag 120
 atggatcagc taaaacaagc caacactgaa gacacaaaga atgaggtag gttcatgaa 180
 accaggtaa caccctgtggc tgagctaaac acaaagatga caatgacctt gtaccaggt 240
 tagaagctca gagacatgcc tgcaaaatga aatccctgag gaattttgca gctaccaga 300
 5 gatacgttgt tcaaattaaa atgtctgacg gatcactcat ttgaggaaca gcacatcagc 360
 ttccgcctt acgtggacaa taggtttt actttgacgg tgacaatgtcc ccacctgg 420
 ttccagatgg gactcatatt cccacaataa gcagccctta ctaagccgag agatgtcatt 480
 cctgcaggca ggacctatacg acgtgtgaag atttgaatga aagtagtgc ccatttgaa 540
 gcccagacat aggtatggc agtgggcatg gctctattcc tattctcaaa ccatgcagt 600
 10 ggcaacctgt gctcagtctg aagacaatgg acccacgtt ggtgtgacac gttcacataa 660
 ctgtgcagca catgcggga gtgtcgttc agacattta atttgaacca cgtatctctg 720
 ggtagctaca aaattctca gggatttcat ttgcaggca tggctctgag cttctatacc 780
 tgctcaaggt cagtgtcatc ttgtgttta gctcatccaa aggtgttacc ctggttcaa 840
 tgaacctaac ctcattttt gtgtcttcag ttgtggctt ttttagctga tccatctgta 900
 15 acacaggagg gatccttggc tgaggattgt atttcagaac caccacactgc tcttgacaat 960
 tggtaacccg ctaggcctt ttggtagag aagccacagt cttcagccct ccaattgg 1020
 tcagtactta ggaagaccac agctagatgg acaaacagca ttgggaggcc ttggctgc 1080
 tcctctcaat tccatctgt agagaacagg agtcaggagc cgctggcagg agacagcatg 1140
 tcacccagga ctctgcggc gcagaatatg aacaatgcca ttgttctgca gaaaacgctt 1200
 20 agcctgagtt tcataggagg taatcaccag acaactgcag aatgttagaac actgagcagg 1260
 acaactgacc tggctcttc acatagtcca tatcaccaca aatcacacaa caaaaaggag 1320
 aagagatatt ttgggttcaa aaaaagtaaa aagataatgt agtgcattt ctttagttat 1380
 ttggtaagccc caaatatttc ctcatcttt ttgtgtgtc atggatggg gtgacatgg 1440
 cttgttata gaggacaggc cagtcgtctg gtcagtgat ctacattctg aagttgtctg 1500
 25 aaaaatgtctt catgattaaa ttcaacccaa acgttttgc gggAACACTG cagagacaaat 1560
 gctgtgagtt tccaaacctca gcccatttc gggcagagaa ggtctagttt gtccatcac 1620
 attatgatatt caggacttgt tacttggtt aggaggggtc taggagatct gtcccttt 1680
 gagacacctt acttataatg aagtacttgg gaaagtggg ttcaagagta taaatatcct 1740
 gtattctaat gatcatcttc taaacatttt atcatttatt aatcctccct gcctgtgtct 1800
 30 attattatat tcatatctct acgctgcaaa ctttctgcct caatgtttac ttgtgccttg 1860
 ttttgctag ttgtgtttgt tgaaaaaaaaaacattccct gcctaagttt gtttggca 1920
 agtatt 1926

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 762 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 40 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

5	ctccactgca	accacccaga	gccatggctc	cccgaggctg	catcgtagct	gtctttgcca	60
	tttctgcat	ctccaggctc	ctctgctcac	acggagcccc	agtggccccc	atgactcctl20	
	acctgatgt	gtgccagcca	cacaagagat	gtggggacaa	gttctacgac	cccttcgcagc180	
	actgttgcta	tgatgtatgcc	gtcgtgcctt	tggccaggac	ccagacgtgt	ggaaaactgca240	
	ccttcagagt	ctgctttgag	cagtgtgtcc	cctggacctt	catggtaaag	ctgataaaacc300	
	agaactgcga	ctcagcccg	acctcggatg	acaggctttg	tcgcgtgtc	agctaattgaa360	
	acatcagggg	aacgtatgact	cctggattct	ccttccttggg	tgggccttgg	gaaagaggct420	
	gtgttacact	gagatcttgg	atgtcgatgt	gctgtttttgg	ggccagagaa	acacacactc480	
	actgtcccac	ttcatctgt	gacctgtctg	aggcccaccc	tggcgttgc	tcgaggaggc540	
	ccacaggttc	ccttccttagaa	ttctggacag	catgagatgc	gtgtgtgtat	ggggggcccaag600	
	ggactctgaa	cccttcctgtat	gacccttatg	gccaaatcatca	acccggcacc	accccaaggc660	
	tggctgggaa	acccttcacc	tttctgtgag	atttccatc	atctcaagg	ctcttctatc720	
	caaggacaaa	qcacaggatc	ataataaatt	tatgtacttt	aa		762

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1146 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5:

40	tcaaggattat	tctgtgcact	ttaaatttac	ttaacttacc	ataaaatgcag	tgtgactttt	60
	ttaaaaact	cttctggaa	gttggttt	aagccttgc	caggtgtaa	tgttgtaaa	120
	tacccaccac	taaagtttt	taagttccat	atttctcca	tttgccttc	ttatgtattt	180
	cccacacact	ggattgtgag	gctcttaact	tcttaaaagt	ataatggcat	cttgtgaatc	300
45	ctataagcag	tcttatgtc	tcttaacatt	cacacctact	ttttaaaaac	aaatatttt	360
	actatttta	ttatgtttt	tccttataa	atttcttaa	agattaagaa	aatttaagac	420
	ccatttgagt	tactgtaatg	caattcaact	tttagtttac	ttttaaatat	gtctgtata	480
	gttcatatc	atggctgaaa	cttgaccaca	ctatgtga	ttgtatgtt	ttcacctggy	540
50	caccgttag	aatgtttag	tactgttact	cttcttatgc	taatatgtc	tggctggag	600
	aaatggaaatc	ctcaaggccat	caggatttgc	tatttaatgg	gcttgacaaac	tggccacca	660
	agaacitga	acttcacctt	ttaggatttgc	agctgttgc	gaacacatttgc	ctgacttttgc	720
	aaaagtcaaa	atcaagtgc	agtggcgccc	tttccataga	gaatttgccc	agctttgttt	780
55	taaaagatgt	cttggttttt	atatacacat	aatcaatagg	tccaaatctgc	tctcaaggcc	840
	ttgggtctgg	tgggattcct	tcaccaatta	ctttaaattaa	aaatggctgc	aactgtaaaga	900
	accctgtct	gatataatttgc	caactatgtc	cccatttaca	aatgtacattt	ctaattgtca	960
	gttgcacgtt	tccaaatgc	aggggcgctg	gactccctt	gtgtgggtgg	ggtttgtggg	1020

tagtggtgaa ggaccgatat cagaaaaatg ccttcaagtg tactaatat ttaataaaac 1080
ttaggtgttt gttaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaaag ggtgggtggt gttgggtgt 1140
ttggtt 1146

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2407 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

30	gagtgagtga	gtgtgttgca	tcgaattaag	gactcttcaa	gagaagagag	gtccatttcg	60
	ggttgtccag	attgaagtga	ggtctcacgg	tggaaaagaaa	aggaaaatat	tcaagactctc	120
	ttgaaatcca	aagagcaaga	agtaaatgaa	cttctgcaaa	aattccagca	agctcaggaa	180
	gaaccttgcag	aaatgaaaag	atactctgag	agcttcaa	aactggagga	agataaaagat	240
	aaaaagataa	atgagatgtc	gaaggaagtcc	accaaattga	aggagggcctt	gaacagcctc	300
35	tcccagctt	cctactcaac	aagctcatcc	aaaaggcaga	gtcagcagct	ggagggcgctg	360
	cagcagcaag	tcaaacagct	ccagaaccag	ctggcggaat	gcaagaaaca	acaccaggag	420
	gtcatatatcg	tttacagaat	gcatcttctg	tatgtctgtc	agggccagat	ggatgaagat	480
	gtccagaaag	tactgaagca	aatccttacc	atgtgtaaaa	accagtctca	aaagaagtaa	540
	agtggattcc	ttggcaggac	actgcccctt	gtcatctgtc	tttgtgttag	atccagagtt	600
40	gtcggcaggc	gctgccattt	ttctcattcg	tggtatgcac	tgtggcctag	cgtagttctt	660
	ccctttccaa	aggtttctga	ggacttctcc	caggagaaga	ctgcccgcct	cagaactgct	720
	tagagactc	aaaccagcag	aggtgaaagt	ccctgtcata	ccttcagatt	ccagagctgg	780
	gatcagccat	gcccagaggt	ctggctctga	tgctggcagg	ggggccccct	cctccatccc	840
	tgactggctg	agtggcttta	tcaccacccg	gtgatgtgct	gaggcctctt	gcagtgaatg	900
	cctcttccat	tcctgtactc	ggcagtcgc	attcagcaca	ggagagctt	tttgcctt	960
45	ggcttcaat	tccaaaacat	gatttaattt	ctaataat	tagatgtca	ctagttatgal020	
	agtatctgt	taaaaacccctt	catcatgata	tcctgtggat	ttaaaaaactc	taattccatg1080	
	ttttcttccc	atctgcctta	tatatactcat	caccctgtt	atcaatattc	agtttgatgal140	
	gcactattaa	ctaaaatatg	aaacttaaaa	acaaaagcaa	gttgcctta	aaagttcttt1200	
	ttttaagtaa	attgttgaca	tactgcaaat	tttctatgca	aacttgctc	ctgtgttat1260	
50	ctgtgaagct	caggaaatcc	aaacattttgt	gttcaacaa	gggacagtaa	actgtgttt1320	
	tacagccaaa	agaaaatgcct	catagttctt	aacctcaact	tttgttagaag	tattttttc1380	
	tctgtaatat	tttttattggc	tcataaaagat	gtttcataat	ctgaactctt	aaataagtgal440	
	attacacgt	gattatatta	acaaaataact	ttttaggtag	ccatgctga	gacttttaa1500	
	aaatataact	ttttccttaa	agttttcagc	tatagcaaaa	gttagttatg	tgcccgac1560	
55	ctaatatgag	ctgcacccaa	cacccctaga	actttcagcc	atggtgtctt	cagaattgtal620	
	gcgcatatct	gaatctagca	aatcctcctt	ttaccctgtt	aatgttttga	atcccctgac1680	
	tctaccacqg	cccataaaatq	atctctaqaa	qqactgttag	taccaatctg	ttttcaact1740	

	ttgaagctaa	aaaccctgat	atggtaatat	tatggtgcatt	agcagaggc	tcggaaaaaa	1800
	aatatttctg	ttcactttac	tttcaggtta	aaaatgtttc	taacacgctt	gcaacttccc	1860
	ttatggcatt	aatcttggtg	agggagagag	acagaatcct	ggactctcca	aagtatttaa	1920
5	ctgaaaagtag	ggcctgtct	gacagggccc	atgtcccaca	aggctgcttg	gcctcagtgg	1980
	gtgcttggct	gtgctggatg	atatgttgc	ctgtattgga	taaggacc	tgacagcaaa	2040
	gcaaaaatgg	ctttaaagct	tggtgttact	tttcttaagt	tgtttaaatt	tagttaagca	2100
	atttcaaaaa	tgctccaaag	aaatgtgaaa	ggacaccc	tcacagcact	tcagaaaata	2160
	cacaacagcc	ccttctgccc	ccgcacagaa	atgtcgcaga	gtatataaaa	cttgagacat	2220
10	ttttgttagga	tgcctgacga	ggtgttagcct	tttatcttgc	ttccggatgc	atatttatta	2280
	cgagtactct	ggttaaaatat	tgaaaaggtt	tatgtgttag	tttttagat	tttgtcttgc	2340
	taatttacag	aagttattgg	agaaaataaa	cttgtttcat	tttgcaaaaa	aaaaaaaaaa	2400
	atgaaaa						2407

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1471 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

40	ctcggtcaac	ccggcggttc	ctgcagcggt	ggtcggctgt	tgggtgtgga	gtttcccaagc	60
	gccccctcggg	tccgaccctt	tgagcgttct	gctccggcgc	cagctaccc	gctccctggc	120
	gccatgacca	caaccaccac	cttcaagggaa	gtcgacccca	acagcagaa	tagtcccga	180
	gttttgcggc	ctccagggtgg	tggatccaat	ttttcattag	gttttgcgt	accaacagaa	240
	caacacctgtga	ggaagaacaa	aatggcctct	aatatcttg	ggacacctga	agaaaatcaa	300
	gcttcttggg	ccaagtcagc	aggtgccaaag	tctagtggtg	gcagggaaaga	cttggagtca	360
45	tctggactgc	agagaaggaa	ctcctctgaa	gcaagctccg	gagacttctt	agatctgaag	420
	ggagaagggtg	atattcatga	aaatgtggac	acagacttgc	caggcagcct	ggggcagagt	480
	gaagagaagc	ccgtgcctgc	tgccgcctgtg	cccagccccgg	tggcccccgc	cccagtgcac	540
	tccagaagaa	atccccctgg	cggcaagttcc	agectcgct	tgggttagct	ctgactgtcc	600
	tgaacgcgt	cgttctgtct	gtttcctcca	tgctgtgaa	ctgcacaact	tgagctgtac	660
	tgtacatctc	ttggattttgt	ttcattaaaa	agaagactt	tatgtactgc	tgtcttttt	720
50	ttttttctt	tgaagaacag	gtttctctt	gtccctgact	cttgggtctg	tggccatgg	780
	catgagtgtt	ttcttagt	agatgggagg	gaaagctttg	tgacacttag	tactgtgttt	840
	ttaagaagaa	ataattttgtt	tccagatgtg	ttagaggatc	ttttgtactgt	aggtttttaa	900
	cactttactt	gggttacca	agcctcaact	ggacagacca	taaacagttcc	acagggcacccg	960
	ttcctgccag	gccccaaccc	acagggagtc	tctccgcaga	gccttcttgg	tgtgccttca	1020
55	acttgcctgtt	ggccctttgtct	cagagcctcc	tcctgtgaca	tgtgaacaat	gaagaggcct	1080
	gcgccttcctg	ccttgcggcc	tgcaaaagcaa	agaaactgccc	ttttattttt	taaccttaaa	1140
	aagtaqccaaq	atagtaacaa	gactggctgg	ctgtatgagca	aaggctttgc	tctcacgcag	1200

```

    aggaaggctt ggatgtacaa taaaaactgccc tggaaactaaaa agcagtgaag caaggaggc1260
    aatcacactg aagcgggtct tcctccagga acggggtccc acaggcgtgt tgttttaat1320
    aacctgtatgc tgtgtgcatt atgctggtgc ttgaccatga aaggaaagtc tcatccttaa1380
    aatgtgttgtt acttcacaat cctggactgt tgcttcaagt aaacaatattc cacatttga1440
5 aaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaa a 1471

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10 (A) LÄNGE: 1732 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

30	gcagaaccta	cgccgtacgg	gcccggcggc	ggctgagccg	cgctgcgcag	cgacgcggga	60
	atgaagcggg	cgctggcag	gcaaagggc	gtgtggttgc	gcctgagaa	gatactttc	120
	tgtgttttgg	ggttgtacat	tgccattcca	tttctcatca	aactatgtcc	tggaatacacg	180
	gccaaactga	ttttcttcaa	tttcgtaaaga	gttccttatt	tcattgattt	aaaaaaacca	240
35	caggatcaag	gttgaatca	cacgtgtaac	tactacctgc	agccagagga	agacgtgacc	300
	attggagttct	ggcacaccgt	ccctgcagtc	tggtggaaaga	acgcccagg	caaagaccag	360
	atgtggatcg	aggatgcctt	ggcttccagc	caccctatca	ttctgtacct	gcatggaaac	420
	gcagggtacca	gaggaggcga	ccaccgcgtg	gagctttaca	aggtgctgag	ttcccttggt	480
	taccatgtgg	tcacccttga	ctacagaggt	tgggtgtact	cagtggaaac	gccatctgag	540
40	cggggcatga	cctatgacgc	actccacgtt	tttgaactgga	tcaaagcaag	aagtgggtac	600
	aacccctgtt	acatctgggg	ccactctctg	ggcactggcg	tggcgacaaa	tctggtgccg	660
	cgcctctgt	agcgagagac	gcctccagat	gccttataat	tggaatctcc	attactaaat	720
	atccgtgaag	aagctaagag	ccatccattt	tcagtgtat	atcgatactt	ccctgggtt	780
	gactggttct	tcctgtatcc	tattacaagt	agtggaaatta	aatttgcaaa	tgtaaaaac	840
45	gtgaagcaca	tctctgtcc	cctgctcatc	ctgcacgcgt	aggacgaccc	ggtggtgc	900
	tcccgactgt	gcagaaaagct	ctatagatc	gcccgcacca	ctcgaagett	ccgagatttc	960
	aaagttcaat	ttgtggccctt	tcattcagac	cttggctaca	ggcacaata	catttacaagl	1020
	agccctgagc	tgccacggat	actgagggaa	ttccctggga	atcgaggaccc	tgagcaccagl	1080
	caactgagct	ggccgtggga	aggaagcatg	aagacctctg	ccctcctccc	gtttcctcc	1140
50	agtcaagcgc	ccggtatcc	gaagccccgg	ggggccggca	cctgcaatgc	tcagggagcc	1200
	agctcgcacc	tggagagcac	ctcagatccc	aggcggggag	gccccctgcag	gcctgcagt	1260
	cccgaggccc	tgagcatggc	tgtgtggaaa	gcgtgggtgg	caggcatgt	gctctccttg	1320
	ccgccccctca	acctgagatc	ttgttggggag	acttaatggc	agcaggcagc	catactgccc	1380
	tgggtgtatgc	tgcactgagc	tggacagggg	gagttccgggc	aggggactct	tggggctcg	1440
55	gaccatgtcg	agcttttgg	caccacccac	agagaacgtg	gggtccaggt	tcttctgc	1500
	ccttcccacg	acatgcagaa	tgactccagt	ggttccatcg	ccccctctg	ccctgtgtac	1560
	ctqcttqctt	ttctcgtactg	ccccacccac	cctgggctgg	cccaactcacc	cacagtggaa	1620

gtgcccggga tctgcacttc ctcccctttc acctacctgt acacctaacc tggccttaga1680
 ctgagcttta tttaagaata aatcgtggc ggtggtcaaa aagacactct gc 1732

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 989 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 10 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

30 cggctcgagc gtgatcgctg actcagctga ccctgcggga ccggaaaaag aaattcccg 60
 gcccggctt cttggcgca tgaggttccg gttctgtggt gatctggact gtcccactg120
 ggtcctggca gaaatcagca cgctggccaa gatgtcctct gtgaagttgc ggctgctctg180
 caccaggtac taaaggagct gctgggacag gggattgatt atgagaagat cctgaagctc240
 acggctgacg ccaagttga gtcaggcgt gtgaaggcca cagtggcagt gctgagttc300
 atccctctcca gtgcggccaa gcacagtgtc gatggcgaat ctttgtccag tgaactgcag360
 35 cagctggggc tgcccaaaga gcacgcggcc agcctgtgcc gctgttatga ggagaagcaa420
 agcccccttgc agaagcactt gggggctgc agcctacgca tgaatagttt ggcagggtgtg480
 ggctgggggg tggactacac cctgagctcc agcctgtgc aatccgtgga agagcccatg540
 gtgcacctgc ggctggaggt ggcagctgcc ccagggaccc cagcccgagcc ttttgccatg600
 40 tccctctca cagacaagtt ccaggtcctc ctggcagaac tgaaggcaggc ccagaccctg660
 atgagctccc tgggctgagg agaagggtgt tccaggcctg tggagccg ccctgcccgt720
 atggagtac gcccctgaa ctgctttcg ggaggcagcc ctggttctag gatgtcgagg780
 ccctggcccg gactctggcc tcccgatcc ccagctgcct cacttctctc ttgagaactt840
 ggctcaggcc tcctgaggac ctttcccagc attacctcc ctcccttga aaggcaattg900
 45 ttggctgttt tcataaggcag gaaaaataaa cagaagtata aaagagaaaa aaaaaaaaaa960
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 989

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 1467 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11:

cgaggaccgg ccttgcgagc ggcgacgact ataaaatggc gcgtgctgca acccgccccc 60
 gtttcggaga gagaatgtct ggggtgcagc ttcaagctta ggaccaccca ccatgcctat 120
 ccaggtctg aagggcctga ccatcactca ttaagaacag aggaggctgc ctgttactcc 180
 20 tggtgttgc tccctccaga cactctgtct tttcctgcct aggcgtggct gcagccatgg 240
 ctagaaagc gctgccaccc acccacctgg gccagagctg gtctgctcc tgctgcaggg 300
 acactgagct ggctatctcg gcgccttcggg caagaactgc aacaggctct cctgggtcct 360
 gcaggtgtac agccggccccc ctgccttgc tccagctct cgagagctgc tgctgccggg 420
 tggacctgtatc caacctgata aggtgccatc ttcaagtttacc actgcaaggg cctgagggca 480
 25 acagcagcac ggcactgccc acccggtctgc tgatggcttg gtgcagctg ggagtctcc 540
 cgccacttcg aggccactga gcccaccccttc cagccccagc ccacccatggc caggggtatc 600
 cagcttcctc ctcaacctcg tccctctgccc ctgagccagt gacgccccaa gacatgcctg 660
 ttacccaggt cctgtaccag cactagctgg tcaaggccat gacagtgtct gaggccgtct 720
 tgagatcca ggcacatcact ggcagcggc tgctctccat ggtgccaggg cccgcagggc 780
 30 caccaggctc atgctgggac ccaacccagt gcacaaggac ttggctgtct agccacacac 840
 ccaggagaag gtggataaagt gggcttccctg caggcttaggg gaggagccac 900
 ccccgcttcc ctattgtgac caggccatag gggaggagct gtccatacgc caccgtgaga 960
 cctgggcctg gctctcaagg acagacaccg cctggcctgg tgctccaggg gtgaagcagg 1020
 ccagaatccct gggggagctg ctccctgggtt gagctgcatt caggaagtgc gggacatgg 1080
 35 aggggaggca aaaagccctt ggcactacc tccctgtgg gctgttcggg gtccgtcgag 1140
 ctggccacac cctgacacca tttcaaggg taccggaaaga gaagggtgtc tgcccccaac 1200
 ctccccctgtg ggtgtcaactg gccagatgtc atgaggaaag caggccttgat ggtggacac 1260
 tgaccatgat tccctggggg gagtgtatccc ccaggccatcg ttttgcctatgt tgcaactctg 1320
 cccaggccagc aggggtgggtg ggtaccatgg gtgcacccccc ctccaccaca tggggccca 1380
 40 aagcactgca ggcacccatgg cacccttgc ataaaagcat cttgaagctt 1440
 taaaaaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaaataaa 1467

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 895 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

15	ctcgagccgc tcgagaacct cacttcctta ctcctccaaa aagaagtggg gaaagaaccca 60 tcaaacccttt cctcctgact taccaaaccac gaaaaacagc aggagagggg ggctcaggac120 ttaggggacag ggtatagctt agatggtgaa aagcaaagga gagcaggaaatgtaatca180 ctggctaattg agaaaaggag acagctaact ctaggatgaa gctgtgacta ggctggagtt240 gcttccttga agatgggact cttgggtat caagacctat gccacatcac actgggcta300 ggaaagttagg tgatgccagc cctcaagttt gtcttcagcc agggacttga gaagttatat360 tgggcagtgg ctccaatctg tggaccagta ttccagctt ccctgaagat caggcagggt420 gccattcatt gtcttctct cctagcccccc tcagaaaaga aggactatata ttgtactgtat480 20 cccttaggggt tctggaaaggaa aaaacatgga atcaggattc tatagactga taggcctat540 ccacaaggggc catgactggg aaaaggatgtt ggagcagaag gagaattggg attttaggg600 gcagtagctt caccctaaac ttttggtgcc ctggggcatg tcttggggcc cagactgtta660 agcaggctct gctggcctgt ttactcgatcc acctctgc acctgtgtc ttgagactcc720 25 atccagcccccc aggcacgcca cctgctctt agcctccact atctccctgt gacgggtgaa780 cttcgtgtac tttgtctcggtt ccataatataat gattgtgag cagggttcat ctatttaaa840 cacagatgtt tacaaaataa agattatttc aaacaaaaaaa gaaaaaaaaaaa aaaaaa 895
----	--

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 758 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

5 cgccctgctg ctctggggac ccggccagct ataggctctg gggggccccg ctgcagccca180
 cactgggtgt ggtccccag qcctctgtgc cactcctcac agacctggcc cagtggagc240
 ctgtcctggc tcctgaggca catcctaacg caagtctgac catgtatgtc tgcacccctg300
 tgccccaccc tgaccctccc atggccctct ccaggactcc caccggcag atcagctcta360
 10 gtgacacaga tccgcctgca gatggccccc ccaacccctct ctgctgctgt ttccatggcc420
 cagcattctc cacccttaac cctgtgtca ggcacccctt ccccccaggaa gccttccctg480
 cccaccccat ctatgactt agccaggctc ggtccgtggt gtcggggca cccagcaggg540
 gacaggcact caggaggggcc cagtaaaggc tgagatgaag tgactgagt agaactggag600
 gacaagagtc gacgtgagtt cctgggagtc tccagagatg gggcctggag gcctggagga660
 agggggccagg cctcacattc gtggggctcc ctgaatggca gcctgagcac agcgtaggcc720
 cttataaaac acctgttggta taagccaaaa aaaaaaaaaa 758

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

15 (i) **SEQUENZ CHARAKTERISTIK:**
 (A) LÄNGE: 302 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) **MOLEKÜLTYP:** aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25 (iii) **HYPOTHETISCH:** NEIN

(iv) **ANTI-SENSE:** NEIN

30 (vi) **HERKUNFT:**
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) **SONSTIGE HERKUNFT:**
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) **SEQUENZ-BESCHREIBUNG:** SEQ ID NO: 17:

40 cggtcgacg gtctcgagat caagcatgaa ttgcaagcaa actgctacga ggaggtcaag 60
 gaccgctgca ccctggcaga gaagctgggg ggcagtgcgg tcatctccct ggagggcaag120
 cctttgttag ccccttctg cgcggcccttg cctggggagca tctggggcagg ccccaacacc180
 ttggccctttg ggggtttgca gggctcgccc cctttcttg ccagaaccgg gagggggctg240
 gggggggatt cccaggcagg gggggagggg ccaattccct tttcaacccc caggttggc300
 ca 302

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

45 (i) **SEQUENZ CHARAKTERISTIK:**
 (A) LÄNGE: 824 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) **MOLEKÜLTYP:** aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

15 ggcgaggaca gaggaggcgc gtccggcctt cctgaacacc ttaggctggt ggggctgcgg 60
caagaagcgg gtctgttctt ttacttcctc cacggagtgc gcacactatg gctgcccctg120
ggctcccaga acccacaaca taaaagaaat ggtgctaccc agctcaagcc tgggccttg180
aatccggaca caaaaacccctc tagcttggaa atgaatatgc tgcaacttac aaccactgca240
20 ctacctgact caggaatcgg ctctggagg tgaagctaga ggaaccagac ctcatcagcc300
caacatcaa gacaccatcg gaacagcgc gcccgcagca cccaccccgcc accggcgact360
ccatcttcat gcccacccccc tgccggcggac ggttgcaccac cagccaccac atcatcccgag420
agctgagctc ctccagcggg atgacgcccgt ccccacccacc tcctcttct tcttttcat480
ccttctgtct ctttgttctt gagctttcctt gtctttcctt ttttctgaga gattcaaagc540
25 ctccacgact ctgtttcccc cgtcccttctt gaatttaattt tgcaactaagt catttgact600
ggttggagtt gtggagacgg ccttgagtc cagtcacgat gtgcgtgagt gtgagccacc660
ttggcaagtg cctgtgcagg gcccggccgc cctccatctg gcccgggtga ctggggcgcc720
ggtgtgtgc ccgaaggcctt caccctggcc ctccggcctt agtctggaa gttccgaac780
30 cgaacatcaa gggaggcaag ctttcaagg catttccatt aatt 824

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2190 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttcatgact tttaatgctt 60
 tattggatt gcaagcgta caaggttaaa gacaaaaccc aagcatggg tttgccga 120
 5 aatatttagcg taaaaggagc tgagttgagt caaacacggg ccgcaaggtg gaccgaggcg 180
 gcagggcacag gtgacattca gtgttggcg tgggggtctt caggtgatgg cagaggaggg 240
 gacccaagag ggggcccccc actgaagaca ttggggacac ggggaggaga caagatggag 300
 agccacgact aggcacggag gtcagacagg cagcccccgc caggtatggt agtggccag 360
 10 gggagagctg caaacctggg gacgcaaggg gctggtcggc aagtcccccc gggAACACCC 420
 actccggcga ggcagaatat aacactgggt ggtgggtgt cctgacgaat gggcaggtaa 480
 tttgggtgc ctgcgaagcgt tttggatctc aggccaatgt ggttccaca attgtgacaa 540
 tttggctctt tgggctctg tccaatgttc cgaatggccc actcacaggg cgcttgcga 600
 15 gggaccctct gcgacgctcg agctcgagcc gaaatgaggg aacccccaat tttcatgtca 660
 attgatctat tccccctctt tgggttctgg ggcagttttt ttttacccc tccttagctt 720
 tatgcgctca gaaaccaaat taaacccccc ccccatgtaa cagggggca gtgacaaaag 780
 20 caagaacgca cgaaggccagc ctggagacca ccacgtctc ccccccgc tttatcgccc 840
 tgattggatt ttgttttca tctgtccctg ttgttgggt ttagttgagg gtggaggcctc 900
 ctggggggca ctggccactg agcccccttg gagaagtcag aggggatgg agaaggccac 960
 tggccggctt ggcttctggg gacagtggc ggtccccaga atgcttgagg gcggaggggg 1020
 25 ggggtggca gggtctctc agtgttcagg aggtgtctcg gaggccacag gagggggctc 1080
 ctggctggcc tgaggcttc cgaggggaa gggctagca ggtgttaaa cagagggttc 1140
 catcaggctg gggcagggtg gccgccttc gcacacttga ggaaccctcc cctctccctc 1200
 ggtgacatct tggccggccc tcaagcaccct gccttgctc caggaggtcc gaagctctgt 1260
 30 gggacctctt gggggcaagg tgggtgagg ccggggagta gggaggtcag gcgggtctga 1320
 gcccacagag caggagagct gccaggctcg cccatcgacc aggtgtctt gggccggag 1380
 cccacgggtc tggtgatgcc atagcagcca ccaccgcgc gcctagggt gggcaggga 1440
 ctggccctct gggaggtta cctcgcccccc acttgtgccc ccagctcagc cccctgcac 1500
 35 gcagcccgac tagcagtcgta gaggcctgag gttctgggt cttggtgac gggctggcat 1560
 gaccccgccc gtcgtccatg ccagtccgccc tcagtcgcag aggtccctc ggcaagcgcc 1620
 ctgtgagtgg gccattcgga acattggaca gaagccaaa gagccaaatt gtcacaattg 1680
 tggAACCCAC attggcctga gatccaaaac gttcgaggc accccaaatt acctgcccatt 1740
 tcgtcaggac acccaccac ccagtgttat attctgcctc gcggagtggt gtgttccgg 1800
 40 gggcacttgc cgaccagccc ctgcgtccc caggttgca gctctccct gggccactaa 1860
 ccatcctggc cccggctgac tgcgtgaccc cctgtgcctag tcgtggctc ccatctgtc 1920
 tcctccccgt gtcggcaatg ttttcagtgg gggcccccct ctgggtccc ctctctgcc 1980
 atcacctgaa gaccccaacg cccaaacactg aatgtacact gtgcctgcgg cctcgggtcca 2040
 ccttgcggcc cgtgttgac tcaactcagc tccttaacg ctaatatttc cggcaaaaatc 2100
 ccatgcttgg gttttgtctt taaccttgcac acgcttgcac tcccaataaa gcataaaaag 2160
 tcatgaaatt caaaaaaaaaaaaaaaa 2190

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 45 (A) LÄNGE: 2565 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQÜENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20:

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1632 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26:

```

gacactgggtt ggttctgata agaggcaggg gaggagaaag ccgaggaaga gggagttgcg 60
gaagaggagg gagtaacaa gttctttat ccaccatcac accgggagtg ttgtccagcc 120
20 gtggaggagg aggacatgtg aagaaagaag ctcacagaac ctctacttct 180
gccttgcctc caggatccaa gcccagact tgggtgtctt gcccaggggg ggaagagaat 240
caagccacgg aggataaaag aacagaaaaga agtaaaggag ccagaaagac ctccgtgtcc 300
ccccatctt caggctccga ccccaaggatc tggagatc gttcaggaga ggcgtccgag 360
gagaaggagg aaaaggcaca caaagaaact gggaaaggag aagctgcggc agggcccaca 420
25 tcctcagccc cagcccagag gccccagctc aagtccctgtt ggtgccaacc cagtgtatgaa 480
gaggagggtt aggtcaaggc ttggggggca gctgagaagg atggagaagc tgagtgtcct 540
ccctgcatcc ccccaccaag tgccttcctt aaggccctggg tttttttttt aggagaggac 600
acagaggaag aggaagatgt ggaagaagat gaggacatgt actctggatc agatgaggaa 660
gagggagaag ctgaggcttc ctcttccact cctgctacag gtgtcttctt gaagtccctgg 720
30 gtctatcagc caggagagga cacacagtgt tacaggatca gccgaggatg aaagagaagc 780
tgagacttct gttccacac cccctgcaag tgccttcctt aaggccctggg tttttttttt 840
aggagaggac actggatagt gaggataagg aagatgattc agaagcagcc ttaggagaag 900
ctgagtcaga cccacatccc tcccacccgg accagaggc ccacttcagg ggctggggat 960
atcgacctgg aaaagagaca gaggaagagg aagctgctga ggactgggggaa gaagctgagc 1020
35 cctgccccctt ccgagtgcc atctatgtac ctggagagaa gccaccgcct ccctgggctc 1080
ctcctaggct gcccctccga ctgcaaaaggc ggctcaagcg cccagaaacc cctactcatg 1140
atccggaccc tgagactccc ctaaaggcca gaaagggtgcg ctctcccgaa aaggtcaactg 1200
40 tccattttctt ggctgtctgg gcaggggccgg cccaggccgc cccgcaggggc ccctgggagc 1260
agttgtctcg ggatcgccgc cgcttcgcac gccgcatacc ccaggcccaag gaggagctg 1320
gccccctgtt caccctgtt gccccggccca gaggcctgggc acgcctcagg aaccacat 1380
tagccccat ccctgcctc acccagaccc tgccttcctc ctgtccct tcgtccccag 1440
tccagaccac gccccttgagc caagctgtgg ccacacccctt ccgcctcgatc gctgctgcag 1500
cgctgcccctt ggacctcagt gggaggcggtg gctgagatcca actgggttgc ctataattt 1560
45 ttaactatccat tttttctt agtgtgggtt tatataagga ataaagcctt ttgattttgt 1620
acaaaaaaaaaa aa 1632

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 823 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34:

15

ccgcgtcgac aaatttttt aaagatcatc gatgaagaga gaaaatgcgc ttttctacag 60
 agtcccccttc ccacccacag ccccatcccc agataagcgg ggagttccct ggccgcgtgc120
 cagtttctag ccgctgagtg ggcgtgtgcg cggctccaag tgcgcctgcg tactgctcac180
 tc(cccagctc cgcgcctgc tccgttcctc cccaaactct gaatcgaaga acttccgga240
 agtttctgag agcccaagacc ggcgggcacg cgc(ccatccc caacccccc tttttatccc300
 taccagctg cagtcctggc tgcttccaag caggaggtgg ggccctctggc cttagcccc360
 cggaaaggccag tgccccctcc cccgactctg atttcctct tcccccccaac ggcaagcacg420
 aggagccggca ggacgagcat ggctacatct cccggtgctt cacgcggaaa tacacgctgc480
 cccccgggtgt ggaccccaacc caagtttctt cctccctgtc ccctgagggc acactgaccg540
 20 tggaggcccc catgcccaccc ctggccacgc agtccaaacga gatcaccatc ccagtccac600
 tcgagtcgcg ggcccaccc ttggggcccaag aagctgcaaa atccgatgaa actgcccac660
 agtaaaaggct tagccccggat gcccacccct gctgcccacca ctggctgtgc ctcccccc720
 acctgtgtgt tcttttata catttatctt ctgttttctt caaataaaagt tcaaagcaac780
 cacctggtaaaaaaaaaaaaaaaaaaaa aaa 823

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1203 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

5 gtcggggcg cctgcgcagt cgctttcct caggccgg ccatggcg 60
 cccgtgcagc gggagattca ccaggactgg gctaaccggg agtacattga gataatcacc 120
 agcagcatca agaaaatcg 180
 10 cttgcaacac taaacgagaa attgacagcc cttgaacgga gaatagagta cattgaagct 240
 cgggtgacaa aaggtgagac actcacctag aacagtgccg tctgtctgc 300
 ttacacaac acaggccaca tgggaaaggc cccagcagcc ttcagctcc tccttctcc 360
 ttaaagagca acaggccta ttctgttt tcttttca aaagtgtggc ctttggc 420
 15 tgccatctgg ggtgtgggt ggtatgtggg aagaagtca gaggAACGGT tggaaacgc 480
 gtaggcatt ttaccttca agtaacatttatacatcta cttgtcaatg tatttggac 540
 attcacagcc aaaagcctgg gactctttgtt gaaggccctc ctcaccccta tcttttttc 600
 tctctcttc aaactttctc taaagtctc attgccttg cactgttctc gtgaacagtc 660
 tttgtctcct ccccacccctt ggtggaaagt gcggggcagt cttggtaaag acactcatgc 720
 20 cctggcaatg tggctgccag agaatgttg tgcataacccca ccagttctt gttgatttgg 780
 agaggtcaag gccaggcccc cacttggctt gaaggacat ttccagactt ttcttctgt 840
 cacttggagt gtctatgcct ctcataattt cctaataaaac tcctcaactt ttatctgac 900
 tgctgtgatt atgggtgggaa gaggagctag agatgggtt acttatttgc 960
 atacatggcg ttattatttca aacataaaac tttcaagatgt agctgtttga ttcaaggct 1020
 25 agtgcttac cagcccaagt ccccatgtt ggactttagt ctgacttagct catctggaa 1080
 atcattttgtt cattcagcac atttaccaag tatttactat gtaggcatgt taaactccaa 1140
 taaaacatac agcattgaat cagaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaa 1200
 aaa 1203

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30 (A) LÄNGE: 2384 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 35 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

50 gcctcccgcc cgccgcctct gtctccctct ctccacaaac tgcccaggag tgagtagctg 60
 ctttcggtcc gccggacaca cccggacat agacgtgcgg acggcccacc accccagccc 120
 gccaactagt cagcctgcgc ctggccctc ccctctccag gtccatccgc catgtggccc 180
 ctgtggcgcc tcgtgtctc gctggccctg agccaggccc tgcccttga gcagagaggc 240
 ttctgggact tcacccctgga cgtatggccca ttcatatgaa acgtatgaggaa agcttcgggc 300
 55 gctgacaccc cggggcgtctt gggccggac tctgtcacac ccacctacag cggccatgtgt 360
 ctttcggctt gccactgcca cctgcgggtg gttcagtgct ccgacctggg tctgaagtct 420

5	gtgccccaaag	agatcccccc	tgacaccacg	ctgctggacc	tgccagaacaa	cgacatctcc	480
	gagctccgca	aggatgactt	caagggtctc	cagcacctct	acgcctctgt	cctggtaac	540
	aacaagatct	ccaagatcca	tgagaaggcc	ttcagccac	tgccgaagct	gcagaagctc	600
	tacatctcca	agaaccacct	ggtggagatc	ccgccccacc	tacccagctc	cctggtgag	660
	ctccgcatacc	acgacaaccg	catccgcaag	gtgccaagg	gagtgttcag	tggctccgg	720
	aacatgaact	gcatcgagat	gggcgggaaac	ccactggaga	acagtggctt	tgaacctgga	780
	gccttcgatg	gcctgaagct	caactacctg	cgcacatctcg	aggccaagct	gactggcata	840
	cccaaagacc	tccctgagac	cctgaatgaa	ctccacccat	accacaacaa	aatccaggcc	900
10	atcgaactgg	aggacactgct	tcgctactcc	aagctgtaca	ggctgggct	aggccacaac	960
	cagatcagga	tgatcgagaa	cgggagccg	agcttcctgc	ccaccctccg	ggagctccac	1020
	ttggacaaca	acaagttggc	cagggtgccc	tcagggctcc	cagaccta	gctctccag	1080
	gtggctatac	tgcactccaa	caacatcacc	aaagtgggtg	tcaacgactt	ctgtccatg	1140
	ggcttcgggg	tgaagggggg	ctactacaac	ggcatcagcc	tcttcaacaa	ccccgtgccc	1200
	tactgggagg	tgcagccggc	cactttccgc	tcgctactg	accgcctggc	catccagtt	1260
15	ggcaactaca	aaaagttagag	gcagctgcag	ccaccgggg	gcctcagttg	gggtctctgg	1320
	ggaacacacg	cagacatcc	gatggggagg	cagagccagg	aagctaagcc	aggcccagc	1380
	tgcgtccaa	ccagcccccc	acctcgggtc	cctgacccca	gctcgtatgc	ccatcaccgc	1440
	ctctccctgg	ctcccaaggg	tgcaagggtgg	cgcaaggccc	ggccccatc	acatgttccc	1500
	ttggcctcag	agctgccc	gctctccac	cacagccacc	cagaggcacc	ccatgaagct	1560
20	tttttctctgt	tcactccaa	acccaagtgt	ccaaggctcc	agtccctagga	gaacagtccc	1620
	tggttcagca	gccaggaggc	ggtccataag	aatggggaca	gtgggctctg	ccagggctg	1680
	cgcacctgtc	cagacacaca	tgttctgttc	ctccctccca	tgcatttcca	gccttcaac	1740
	cctcccccgcac	tctgcggctc	ccctcagccc	ccttgcaga	tcatggctg	tccttcccag	1800
	acccctgtctc	cactggccct	tcgaccagtc	ctccctctg	ttctctcttt	ccccgtccctt	1860
25	cctctctctc	tctctctctc	tttctgtgtg	tgtgtgtgt	tgtgtgtgt	tgtgtgtgt	1920
	tgtgtgtgtc	ttgtgttcc	tcagaccc	ctcgcttctg	agcttgggtgg	cctgttccct	1980
	ccatctctcc	gaacctggct	tcgcctgtcc	ctttctactcc	acaccctctg	gccttctgccc	2040
	ttgagctgg	actgtttt	gtctgtccgg	cctgcaccca	gccccctggcc	acaaaacccc	2100
	agggacagcg	gtctcccccag	cttcggcc	tcaggcccttg	cccccaaaacc	tgtactgtcc	2160
30	oggaggaggt	tggagggtgg	aggcccagca	tcccgccgag	atgacaccat	caaccgcag	2220
	agtcccagac	accgttttc	ctagaagccc	ctcaccacca	ctggcccaact	ggttggctagg	2280
	tctccccccta	tccttctgtt	ccagcgcaag	gaggggctgc	ttctgaggtc	ggttggctgtc	2340
	tttccattaa	agaaaacaccg	tgcaacgtga	aaaaaaaaaa	aaaa		2384

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 845 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

5	gcgttccctc cgccgagcta cttctttctt tcctttttt tttttttctg gctaacagaa 60 ttttatttgtt aaatcacaga aacttttagtg caaaacaaaaa atcacgaagt ccatttaata120 gcaacttcat gtcctgtctgg ctttgctgc tgtctctgg caaccagaag tggacagaag180 cgtgggtgcc caagtgggcc acagacagct tccaaaccccc acacccccagc atccaatcca240
10	caccctaggcag acccttcggc atgcccgcct ctaccaggaa gccagaggcc taggagctcg300 ccatccatat ttatttgaaa aggtcaaaag gagcatctat gagacaaggg aggggtgcag360 gctgaagcag cgcctcaaca gccagggaca tgttaggcaac acgagcaggc acagcgcggc420 caccactgtc cacacgctca cacaagccag gccccgcaggg ctttcggaga gcttagcaggt480 tacattcagg cagatggccc tcttccacc caaacccaca gaaccccaaa caaggcatca540
15	ccagggaaaga cacgggaaag ccaaattcaca gttgaaccag ggacagagaa cccttggcccc600 cactgtatgtc ccaagccacc agcagctgt tccaaatctat ctatgtt acatggggaa660 ttatcatcatt taaaaaaaggctt gattttccctt aggcttctaa tctttcatat aaaactgcct720 ttgttttgcctttgttca actcagagggc ccagccaaaggc gggcagggtc cctgatcagg780 gcaggagcccc acctcagaag cccatgccc accagtgcctt aagcacatgt cagtgtcag840 aacaa 845

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2233 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

45	gaattcagaa	gttaatgatg	ttgggtaaga	gaacaatgg	aagagagcaa	tctaagaata	60
	tatcacctac	ttaatttt	tatgagagta	catggaggt	gctgtatgt	ggaaatgtag	120
	cactgctcct	acccacgcag	atttattcca	gtgaaaacaac	aactggaaact	tcaagtaact	180
	cctcccagag	tacttccaac	tctgggttgg	ccccaaatcc	aactaatgcc	accaccaagg	240
	cggctgggg	tgcctgcag	tcaacagcca	gtctcttcgt	ggctctcaact	tctttctgc	300
50	atctctactc	ttaagagact	caggccaaga	aacgtcttct	aaatttcccc	atcttctaaa	360
	cccaatccaa	atggcgtctg	gaagtccaa	gtggcaagga	aaaacaggtc	ttcatcgaa	420
	ctactaattc	cacaccccc	attgacacag	aaaatgttga	gaatccccaa	tttgattgt	480
	ttgaagaaca	tgtgagaggt	ttgactagat	gtggatgccc	aatattaaat	ctgctggagt	540
	ttcatgtaca	agatgaagga	gaggcaacat	ccaaaatagt	taagacatga	tttccttggaa	600
55	tgtggcttga	gaaatatgg	cacttaatac	taccttggaa	ataagaatag	aaataaaggaa	660
	tgggatttgt	gaatggagat	tcagtttca	tttgggtcat	taattctata	aggccataaa	720
	acaggtaata	taaaaagctt	ccatgattt	atttatatgt	acatgagaag	gaacttccag	780

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 817 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

45

SONSTIGE HERKUNFT:

(vii) SEQUENZ BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45:

50 gttttttttt tttttttttg aagagagcag attctttta ttgagatacg ggacacagcg 60
aagggtggag agacggaaca gccccccagc ctcagccctc tccacggggg ccggatgcca120
gagatgggag aagggattca gtctctcgcc cgggaaaccc agtcccacag agggcgccgg180
caagggtggg acgcgacctg ggtgacacagg tgccagggagt cttaaatag aggaggggct240
55 ggagcgggga aacgcgcccc ggcccttagcg caccatgtat tccttgccgt tattgagccg300
aacttggcag aaagagaagc ctccgaggag gaggtaaagg cctgcagcga tgaaacagtt360
qtagctqact tgctcqaaa qtttgtatat qttctggggg ccattctcaa aatcttctc420

5 cgtgaaggga acgtcccaa tcaacacagc ggaatggaca ttaaaaata ttccgagcat480
 tatcaacatg atcactcccc aggcgctgag gacgatgccg caggcggcca gcttcggccc540
 acagcacagg agcagcggca taaaagaaggg agtcgggat ccccgaggta caagcgggct600
 cggaaagcgg tgggagaaag cccaggatgc cctcgaggg gggcagaggg ggcgtggccc660
 cggcctcaac catccccatcc gggggcggca ggcggaaaag gctgggctcc tctcaggact720
 ttcgcggag acggcggcgt ctggaaaccaa aactgtccct gggggaaacct tccttgacct780
 ctgtagctag ggcgtgagta ttggaaagagc gagggcc 817

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1644 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 15 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 25 (C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46:

35 gttccggctc acatggaaa tactttctga gagtcctgga ctcctgtgc aagaacatga 60
 aacacctgtg gttcttcctc ctgctgggtg cagctcccg atgggtcctg tcccaaggtgc 120
 actgtcagga gtcgggccc gggactgggtga agccttcaca gaccctgtcc ctcacactgca 180
 ctgtctctgg tggctccatc agcagtgggtg gttactactg gagctggatc cgccagcacc 240
 cagggaaaggg cctggagtttgggattttgggtaca tctattacag tgggagcacc tactacaacc 300
 cgtccctcaa gagtcgagtttaccatatacg tagacacgtc taagaaccag ttctccctga 360
 agctgagctc tggactgccc ggggacacgg ccgtgttata ctgtgcgaga gagcatctct 420
 40 cttacgggtga ctcgagatac tactactacg gtatggacgt ctggggccaa gggaccgg 480
 caccgtctcc tcagcatccc cgaccagccc caaggcttc ccgctgagcc tctgcagcac 540
 ccagccagat gggAACGTGG tcatcgctcg cctgggtccag ggcttcttcc cccagggagcc 600
 actcagtgtg acctggagcg aaaggggacag ggcgtgaccg ccagaaactt cccaccacgc 660
 caggatgcct ccggggacct gtacaccacg agcagccacg tgaccctgccc ggccacacag 720
 45 tgcttagccg gcaagtcgt gacatgccc gtgaagact acacgaatcc cagccaggat 780
 gtgactgtgc cctgcccagt tccctcaact ccacccatccc catctccctc aactccacct 840
 accccatctc cctcatgtcg ccaccccccgt ctgtcaactgc accgaccggc cctcgaggac 900
 ctgtctttag gttcagaagg gaaacctcagc tgacactgaa cccggcttggat agatgcctca 960
 50 ggtgtcacct tcacctggac gcccctcaagt gggaaagacg ctgttcaagg accacactgag1020
 cgtgacccctt gtggctgcta cagcgtgtcc agtgcctgc cgggctgtgc cgagccatgg1080
 aaccatggga agacccatc ttgcactgct gcctaccccg agtccaagac cccgctaacc1140
 gcacccctct caaaatccgg aaacacatcc cggccggagg tccacctgct gccgcccc1200
 tcggaggagc tggccctgaa cgagctgggtg acgctgacgt gcctggcactc cggctcagc1260
 cccaaggagc tgctgggtcg ctggctgca gggcacagg agtgcggcccg cgagaagtac1320
 55 ctgacttggg catccccggca ggagccggc cagggcacca ccacccctgc tggaccagc1380
 atactgcgcg tggcagccga ggactggaa aaggggaca cccctctctg catggggcc1440
 cacgaggccc tgccgctggc cttcacacag aagaccatcg accgcttggc gggtaaacc1500

accatgtca atgtgtctgt tgtcatggcg gaggtggacg gcacctgcta ctgagccgccc1560
 cgcctgtccc caccctgaa taaactccat gctccccc1620
 aaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaaa
 1644

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 969 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 15 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48:

30

gaggaggagg gtgtatctcc ttcgtcgga ccgcccccttg gcttctgcac ttagtgggg 60
 tggatgagta atgcattccag gaagcctgga ggcctgtggc ttccgcaccc gctgccaccc120
 ccgccccctag cgtggacatt tatcctctag cgctcaggcc ctggccgcacat180
 ccagcgccca gagagacacc agagaaccca ccatggccccc cttttagggcc ctggcttctg240
 gcatctgtt gttgctgtgg ctgatagccca ccagcaggcc ctgcacccctgt gtccccacccc300
 acccacagac ggccttctgc aattccggacc tctgtatcg gggcaagtgc gtggggacac360
 cagaagtcaa ccagaccacc ttataccagg gttatgagat caagatgacc aagatgtata420
 aagggttcca agccttaggg gatgccgtg acatccgggt cgtctacacc cccgccccatgg480
 agagtgtctg cggataacttc cacaggtccc acaaccgcag cgaggagttt ctcattgtctg540
 gaaaactgca ggatggactc ttgcacatca ctacctgcag ttcgtggct ccctggaaaca600
 gcctgagctt agctcagcgc cggggcttca ccaagaccta cactgtggc tggaggaaat660
 gcacagtgtt tccctgttta tccatccccct gcaaactgca gagtggcact cattgttctgt720
 ggacggacca gtcctccaa ggctctgaaa agggcttcca gtcccggtcac cttgcctgccc780
 tgcctcggtt gccaggctgt tgacactggc agtccctgcg gtcccgatata gcctgaatcc840
 tgccctggagt ggaagctgaa gcctgcacag tggccaccct gtcccactc ccattttct900
 45 tccggacaat gaaataaaga gttaccaccc agaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa acaagtcgtc960
 gctgtctgt 969

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 704 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50:

ggggagactc gtcaccaggc gtgcagtggg cactgctggg ctccccatc ccgtcctaac 60
 20 ccgaacagc cccggcagg aggctggaa agtcgagggg gtaaaccgcg aatgtgcgtt120
 gtgttaagcca cggcgcaggc tggggcgcgg gcgggacttg ggcgggcggg gtgggcttgg180
 ccgagctggc ctccggggca ccgaccgcta taaggccagt cgactgcga cacagccat240
 ccctcgacc gctcgctcg catttggccg cttccctacc gctccaagcc cagccctcag300
 ccatggcatg cccctggat caggccattt gcctcctcgt ggcacatcttc cacaagtact360
 ccggcaggga gggtgacaag cacaccctga gcaagaagga gctgaaggag ctgatccaga420
 25 aggagctcac cattggctcg aagctgcagg atgctaaaat tcaaggctg atgaaagact480
 tggaccggaa caaggaccag gaggtgaact tccaggagta tgtcaccttc ctggggcct540
 tggcttgat ctacaatgaa gccctcaagg gctgaaaata aatagggaaag atggagacac600
 cctctggggg tcctctctga gtcaaattca gtggtggtt attgtacaat aaatttttt660
 tggtcaaatt taaaaaaaaaaa aaaaaaagag aaaaaagggt gaga 704

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35 (C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 51:

PCSSQFHPVE NRSQEPLAGD SMSPRTLPVQ NMNNAMFLQK TLSLSFIGGN HQTTAECRTL60
 50 SRTTDLSPSH SPYHHKSHNK KEKRYFGFKK SKKIM 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 52:

LPRDTWFKLK CLTDHSRHVL HSYVNVSHTL WVHCLQTEHR LPLAWFENRN RAMPTDPSYV60
WASKWNCTFI QIFTCL 76

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 53:

RVNNCQEQLV VLKYNPQPRI PPVILQMDQLK QANTEDTKNE VRFIETRVTP LDELNTKMTL60
TLSRYSRSET CLQNEIPEEF CSYPEIRGSN 90

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 54:

5 PLQPPRAMAP RGCIVAVFAI FCISRLLC SH GAPVAPMTPY LMLCQPHKRC GDKFYDPLQH 60
CCYDDAVVPL ARTQTCGNCT FRVCFEQCCP WTMVKLINQ NCDARTSDD RLCRSVS 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

10 (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 55:

RVPQPALGWC RVDVGHGRHQ EGSESLGPHQ HTHMLSRIL EGDLWASSGQ RQGGPQTGHR 60
MKWAVECVFL WPPNSHSASQ ISGNTSLFLQ AHPGRRIQES SFP 103

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 56:

RCSFHTSGSW PRARRHHHSN SAAGGRRTCP HISCVAGTAS GKESWGPLGL RVSRGAWR CR60
KWQRQLRCSL GEPWLWVVAV E 81

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

(A) LÄNGE: 127 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 60:

VTVMQFNFEL SFKYVLYSSY SWLKLDHTIA DCMVFTWTPC RMLDYLYSSY ANMLWAGEMK 60
SSSHQDLLFK WLDNWATKEL ELHLLGFELF WNTLLHFGKS KSSASGALSI ENLPSFALKD120
VLFIFT 127

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

- (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 61:

SIGPICSQGL GPGGIPSPIT LIKNGCNCKN PCLIYLOLCS HLOMYLLMLS CQVPMQRWRG 60
LPLCGWGLWV VVKDRYQKNA FKCTNLLINI RCLLKKKKKK KKRVGGVGCI G 111

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 62:

5

YRSFTTTKHP HPHKGSPRHL CIGTWQLSIR RYICKWEHSC KYIROGFLQL QPFLIKVIGE60
GIPPGPRP 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

10

- (A) LÄNGE: 195 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 63:

25

LVQPGGSCSG GRLLGVCFPS APRVRPFERS APAPATSLLG AMTTTTFKG VDPNSRNSSR 60
VLRPPGGGSN FSLGFDEPE QPVRKNKMAS NIFGTPEENQ ASWAKSAGAK SSGGREDLES120
SGLQRNNSSE ASSGDFLDLK GEGDIHENVD TDLPGSLGQS EEKPVPAAPV PSPVAPAPVP180
SRRNPPGGKS SLVLG 195

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

35

- (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50

VSQSFPSNLL LENTHAMahr PKSQGQRETC SSKEKKKRQQ YIKCFFLMKQ IQEMYSQAQV 60
VQFTSMEETD RTTAFRTVRA NPRRGWTCRQ GDFFWMALGP GPPGWAQAQQ ARASLHSAPG120
CLASLCPHFH EYHLLPSDLR SLRSLLQRSS FSAVQMTPSL PC4H 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

5 (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 65:

20 FQAVSLYIQA FLCVRAKALL ISQPVLLSG YFLRLKNKRQ FLCFAGGKAG GAGLFIVHMS 60
QEEALKGHW QVRATPRLC GETPCGLGPQ RNGACGLFMV CPVEAW 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

25 (A) LÄNGE: 349 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 66:

40 AALRSDAGMK RALGRRKGWV LRLRKILFCV LGYIAIPFL IKLCPGIQAK LIFLNFVRVP 60
YFIDLKKPQD QGLNHTCNYY LQPEEDVTIG VWHTVPAVWW KNAQGKDQMW YEDALASSHP120
IILYLHGNAG TRGGDHRLVEL YKVLSSLGYH VVTFDYRGWG DSVGTPSERG MTYDALHVFD180
WIKARSGDNP VYIWGHSLGT GVATNLVRRL CERETPPDAL ILESPTNIR EEAKSHPFSV240
IYRYFPGFDW FFLDPITSSG IKFANDENVK HISCPILLH AEDDPVVPFQ LGRKLYSIAA300
45 PARSFRDFKV QFVPFHSDLG YRHKYIYKSP ELPRLREFL GKSEPEHQH 349

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

50 (A) LÄNGE: 191 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 67:

SGLSRLGPGR NQHAGQDVLC EVAALHQVL KELLGQGIDY EKILKLTADA KFESGDVKAT 60
VAVLSFILSS AAKHSVGDGES LSSELQQLGL PKEHAASLCR CYEEKQSPLQ KHLRVCSLRM120
NRLAGVGWRV DYTLLSSLLQ SVEEPMVHLR LEVAAAPGTP AQPVAMSLSA DKFQVILLAEL180
15 KQAQTLMSL G 191

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

20

- (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 68:

35

FFFFFFF FFFFSLLYFC LFFLLMKTAN NCLSREGKVM LGKVLRSPEP SSQERSEAAG 60
DLGGQSPGQG LSILEPGLPP EEQFRGRDSI RAGRLHTGLE HPSPQPRLI RVWACFSSAR120
RTWNLSAERD MATGWAGVPG AAATSSRRCT MGSSTDCSR ELRV 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

40

- (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 69:

5 NQGCLPKSSS EGVTPYGQGG STQAWNTLLL SPGSSSGSGP ASVLPGGPGT CLLRGTVQQA 60
GLGSLGQLPP PAAGAPWALP RIAAGWSSGC SPPASPHLPT YSCVGCRPAS ASARGFASPH120
NSGTGWPRAL WAAPAAAVHW TRIRHRHCAW PHWRG 155

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

10 (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 73:

25 LVKGMTVLEA VLEIQAITGS RLLSMVPGPA RPPGSCWDPT QCTRWTLLSH TPRRRWISGL 60
PRASCRLGEE PPPLPYCDQA YGEELSIRHR ETWAWLSRTD TAWPGAPGVK QARILGELL120
V 121

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

35 (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 74:

QACPWASLAQ GQRTRLRRKL DTPVHGLGL EGWLSGLEVP GGLPAGTRPS AAGWAVPCCC 60
CPQGLAVVAE DGTLSGWIRS PGSSSSRELR HKAGARLYTC RTQESLLQFL PEAPR 115

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 75:

RWHLIRLDQV TRQQQLSRAE AQGRGPAVHL QDPGEPVAVL ARSAEIASSV SLQQEQNQLW 60
PRWVGGSNFL AMAAATPRQE TAELEGNCNT RSNRQPPFL MSDGQALQHL DRHGGWS 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

20 (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 76:

PPQERRTIFV LYPRGSGREN MESGFYRLIG PIHKGHDEWEK VWEQKENWDF RVQYAHPKLL60
VAWGMS 66

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

45 (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 77:

5 ALSTRAMTGK RYGSRRRIGI LGCSTLTLNF WWPAGACLEAQ TVKQALLACL LVTTSAAPAVL60
RLHPAPGTPP APEPPLSPCD G 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

10 (A) LÄNGE: 104 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 78:

TLTTIHIWTR DTVHEVHPSQ GDGGSGAGG VPGAGWSLKT AGAEVVTSKQ ASRACLTWVA 60
SRHAPGHQKF RVSVLHPKIP ILLLPYLFP VMALVDRAYQ SIES 104

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(A) LÄNGE: 187 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 82:

50 ARAARGARRT SRAVPTCAT PAGPMPCSRL PPSLRCSLHS ACCSGDPASY RLWGAPLQPT 60
LGVVHQASVP LLTDLAQWEP VLVPPEAHPNA SLTMVYVCTPV PHPDPPMALS RTPTRQISSS120
DTDPPADGPS NPLCCCFHGP AFSTLNPVLR HLFPQEAFPA HPIYDLSQVW SVVSPAPS180
QALRRAQ 187

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

5 (A) LÄNGE: 241 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 83:

FFFFGASNRC LLRAYAVLRL PFREPHECEA WPLPPGLQAP SLETPRNSRR LLSSSSSTQST 60
SSQPLLGPPE CLSPAGCGGH HGPDLAQVID GVGREGFLGE EVPEHRVKGG ECWAMETAAE120
20 RVGGAICRRI CVTRADLPGG SPGEGHGRVR VGHRGADIHG QTCVRMCLRN QDRLPLGQVC180
EEWHRGLGHH TQCGLQRGPP EPIAGRVPRA AGRVQGAAQG WRQPAAGHGP RWRCTSRCHS240
T 241

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

25 (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 84:

MGWAGKASWG KRCLSTGLRV ENAGPWKQQQ RGLEGPSAGG SVSLELICRV GVLERAMGGS 60
GWGTGVQTYM VRLALGCASG TRTGSHWARS VRSGTEAWGT TPSVGCSGAP QSL 113

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

50 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 85:

10 AFLSFLFSER FKA STTLFPP SLLNLI CTKS FAL VGV VETA LSL STSV REC EPP WQV PVQG 60
PAALH LGRVT GAP AVCPKAS PWP FGL S LGR FRTE HQGRQA FQG ISIN 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

15 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 86:

30 LRNRLWKVKL EEPDLISPTS KTPSEQQRPO HPPRTGDSIF MATPCGGRLT TSHHIIPELS 60
SSSGMTPSPP PPSSSFSSFC LFVSEL SCLS FFLRDSKPPR LCFPRPF 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

35 (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 87:

1QKGRGKQSR GGFESLRKKE RQESSETKRQ KDEKEEEGGG GDGVIPLEEL SSGMMWWLVV 60
NRPPQGVAMK MESPVRGGCC GRCCSDGVFD VGLMRSGSSS FTFQSRFLSQ VVQWL 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

5 (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 88:

20 CSVRNLPRLR PKGQGEAFGH TAGAPVTRPR WRAAGPCTGT CQGGSHSRTL VLRLKAVSTT 60
PTSANDLVQI KFRRDGGNRV VEALNLSEKR KDRKAQKQRD RRMKKKKREV VGTASSRWRS120
SALG 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

25 (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 89:

40 EGAGGEWRCP AAGGPRGEDG PPGRLTERA GLTTRHLTGT ADPSQKHNLR DPSSSKDERI 60
QQTQPNREGA CSLNLHGLRY LCKPGVAPVL RVILRSCLFP NGFTSGSCRF SLGLSLILKW120
VAGGRGWLKP LLALRLQSWE QDTSPEFHFF SCPNHAHTIV QNQSTFEKWL HGHPPGPRKL180
HSKGLFTWQQ NPSPAVSP 198

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

50 (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 90:

LPPVEPPVLIK GSCRKDMHRN EERERSENEV WRARPGPTAQ GSSPPPDAPF HPPPQCLLSP 60
KAPASEVLGA HPPQCGQGGK GQVLDTAKCP EMTLLLTHFF GPWQSPTCPQ HGAPGRTGRQ120
EGGW 124

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 91:

NSGEVSCSQL CSLRASRGRS HPLPPATHFK MRLRPRLKQ LPEVNPGKRR HERRMTLRTG 60
ATPGLHKYRR PWRLRLQAPS LLGCVCCILS SLELLGSLRL CFWDGSAVPV RCLVVRPALS120
VSLSPPGGPSS PLGPPAAGHL HSPPAPS 147

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

40 (A) LÄNGE: 242 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 94:

5 EAGEEKAEAE GVAEEEGVNK FSYPPSHREC CPAVEEEDDE EAVKKEAHRT STSALSPGSK 60
 PSTWVSCPGE EENQATEDKR TERSKGARKT SVSPRSSGSD PRSWEYRSGE ASEEEKEKAH120
 KETGKGEAAP GPQSSAPAQR PQLKSWWCQP SDEEEGEVKA LGAAEKDGEA ECPPCIPPPS180
 AFLKAWVYWP GEDTEEEEDE EEDEDSDSGS DEEEGEAEAS SSTPATGVFL KSWVYQPGED240
 TQ 242

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

10 (A) LÄNGE: 237 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 95:

RPGCIGQERT LDSEDKEEDDS EAALGEAEESD PHPSPHDQRA HFRGWGYPG KETEEEEAAE 60
 DWGEAEPCPF RVAIYVPGEK PPPPWAPPRL PLRLQRRRLKR PETPTHDHPDP ETPLKARKVR120
 FSEKVTVHFL AVWAGPAQAA RQGPWEQLAR DRSRFARRIT QAQEELSPCL TPAARARAWA180
 30 RLRRNPLAPI PALTQTLPSS SVPSSPVQTT PLSQAVATPS RSSAAAAAAAL DLSGRRG 237

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

35 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 101:

50 VGGACAVALP QAAAMAGQED PVQREIHQDW ANREYIEIIT SSIIKKIADFL NSFDMSCRSR60
 LATLNEKLTA LERRIEYIEA RVTKGELTLT 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 102:

NSAVLLLGSCTFTQHHRPHGKG PSSLQLLPFS LKSNRAYSCF SFFKSVAFGL CHLGCGVVCG60
KKFRGTVGND VRHFTFSVTF YTSTCQCI 88

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

25

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 103:

HFIHLLVNVF ETFTAKSLGL FVKVLLTSIF LSLSLKLKLSLK FSLPLHCFCE QSLSPPHLWW60
EVRGSPGQDT HALAMWLPEN VVANPPVSC 89

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

45

(A) LÄNGE: 240 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 104:

REQILFIEIR DTAKGGETEQ PPSLSPHLGG RMPEMGEGIQ SLARETQSHR GRRQGWDATW 60
VTRCRESLNR GGAGAGKRAA ALAHHVFLAL IEPNLAAREA SEEVKACSD ETVVADLLVK120
VYVVLGAILK IFLREGNVLN QHSGMDIEKY SEHYQHDHSP GAEDDAAGGQ LRPTAQERRH180
10 KEGSRGSPRC KRARKAVGES PGCPRRGAEW AWPRPQPSHP GAAGGKGWAP LRTFAGDGAV240

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

15 (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 105:

30 RLYMFWGPFS KSFSVKGTS INTAEWTLKN IPSIINMITP QALRTMPQAA SFGPQHRS 60
IKKGVGDRRG ASGLGKRWEK AQDALAGGQR GRGPGLNHPI RGRQAEKAGL LSGLSRETAP120
SETKTAPGET FLDLCS 136

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(A) LÄNGE: 173 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 106:

LQRSRKVSPG AVLVDGAVS RESPERSPAF SACRPRMGWL RPGPRPLCPP ARASWAFSHR 60
FPSPLAPRRS PTPFFMASLL CCGPKLAACG IVLSAWGVIM LIMLGIFFNV HSAVLIEDVP120

FTEKDFENGQ QNIYNLYEQV SYNCFIAAGL YLLLGGFSFC QVRLNKRKEY MVR

173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1769 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107:

	ATTATTTACA	TTTCAAAATA	ATTCCCCTTA	ATCGTTTAC	TCCTAAGTTC	ATTACCATTG	60
	TTGGCCCACC	TTAGGTTCCA	CCACTTGGTT	GTTACCCCA	CCCTGGGTT	AAACAGGGAC	120
	ATGGCAAGGG	GACACAGGAC	AGAGGGGTCC	CCAGCTGCCA	CCTCACCCAC	CGCAATTAT	180
30	TTAGTAGCAG	GCACAGGGC	AGCTCCGGCA	CGGCTTCTC	AGGCCTATGC	CGGAGCCTCG	240
	AGGGCTGGAG	AGCGGGAAGA	CAGGCAGTGC	TCGGGGAGTT	GCAGCAGGAC	GTCACCAGGA	300
	GGGCGAACCG	CCACCGGGAGG	GGGGCCCCCG	GACATTGCC	AGCAAGGAGG	CTGAGGGGGC	360
	TCGGCCTGCG	GGCGCCGGTC	CCACGAGGCA	CTGGGGCCCA	GGGTCTGGTG	CGGAGAGGGC	420
35	CCACAGTGGA	CTTGGTGACG	CTGTATGCC	TCACCGCTCA	GCCCCCTGGGG	CTGGCTTGGC	480
	AGACAGTACA	GCATCCAGGG	GAGTCAGGG	CATGGGGCGA	GACCAGACTA	GGCGAGGCGG	540
	GCGGGGGCGGA	GTGAATGAGC	TCTCAGGAGG	GAGGATGGTG	CAGGCAGGGG	TGAGGAGCGC	600
	AGGGGGCGGC	GAGCGGGAGG	CACTGGCCTC	CAGAGCCCGT	GGCCAAGGGC	GGCCTCGCGG	660
	GCGGGCGACGG	AGCCGGGATC	GGTGCCCTAG	CGTTCGGGCT	GGAGACGAGG	CCAGGTCTCC	720
40	AGCTGGGGTG	GACGTGCCA	CCAGCTGCCG	AAGGCAAGAC	GCCAGGTCCG	GTGGACGTGA	780
	CAAGCAGGAC	ATGACATGGT	CCGGTGTGAC	GGCGAGGACA	GAGGAGGCGC	GTCCGGCCTT	840
	CCTGAACACC	TTAGGCTGGT	GGGGCTGCGG	CAAGAACGG	GTCTGTTCT	TTACTTCCTC	900
	CACGGAGTCG	GCACACTATG	GCTGCCCTC	GGGCTCCAG	AACCCACAAC	ATGAAAGAAA	960
	TGGTGCTACC	CAGCTCAAGC	CTGGGCCTT	GAATCCGGAC	ACAAAACCT	CTAGCTTGGAA1020	
45	AATGAATATG	CTGCACTTTA	CAACCACTGC	ACTACCTGAC	TCAGGAATCG	GCTCTGGAA1080	
	GTGAAGCTAG	AGGAACCAGA	CCTCATCAGC	CCAACATCAA	AGACACCATC	GGAACAGCAG1140	
	CGCCCCGAGC	ACCCACCCCCG	CACCGGCCAC	TCCATCTTCA	TGGCCACCCC	CTGGGGCGGA1200	
	CGGTTGACCA	CCAGGCCACCA	CATCATCCCA	GAGCTGAGCT	CCTTCAGCGG	GATGACCGCG1260	
	TCCCCCACAC	CTCCCTCTTC	TTCTTTTCA	TCCTCTCTGTC	TCTTTGTTTC	TGAGCTTCC1320	
	TGTCTTCCT	TTTTTCTGAG	AGATTCAAAG	CCTCCACGAC	TCTGTTTCCC	CCGTCCTTC1380	
50	TGAATTAAAT	TTGCACTAAG	TCATTTGCA	TGGTGGAGT	TGTGGAGACG	GCCTTGAGTC1440	
	TCAGTACGAG	TGTGGTGTGAG	TGTGAGGCC	CTTGGCAAGT	GCCTGTGAG	GGCCCAGGCC1500	
	CCCTCCATCT	GGGGCCGGGT	ACTGGGCC	GGCTGTGTG	CCGAGGCTC	ACCCGCCCT1560	
	CGCCTAGTCT	GGAAGCTCCG	ACCGACATCA	CGGAGCAGCC	TTCAAGCATT	CCATTACGCC1620	
	CCATCTCGCT	CTGTGCCCT	CCCCACCAAGG	GCTTCAGCAG	GAGCCCTGGA	CTCATCATCA1680	
55	ATAAACACTG	TTACAGCAAA	AAAAAAAAAA	AAAAAAAAAA	AAAAAAAAAA	AAAAAAAAAA1740	
	AAAAAAAAAA	AAAAAAAAAA	AAAAAAAG				1769

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 990 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
10 hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

19 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108:

25 AGGGAGAGGC AGTGACCAGT AAGGCTGTGC TGCTTGCCCT GTTGATGGCA GGCTTGGCCC 60
TGCAAGCCAGG CACTGCCCTG CTGTGCTACT CCTGCAAAGC CCAGGTGAGC AACGAGGACT120
GCCTGCAGGT GGAGAACTGC ACCCAGCTGG GGGAGCAGTG CTGGACCGCG CGCATCCGCG180
CAGTTGGCCT CCTGACCGTC ATCAGCAAAAG GCTGCAGCTT GAACTGCGTG GATGACTCAC240
AGGACTACTA CGTGGGCAAG AAGAACATCA CGTGCTGTGA CACCGACTTG TGCAACGCCA300
30 GCGGGGCCCA TGCCCTGCAG CCGGCTGCCG CCATCCTTGC GCTGCTCCCT GCACTCGGCC360
TGCTGCTCTG GGGACCCGGC CAGCTATAGG CTCTGGGGGG CCCCGCTGCA GCCCACACTG420
GGTGTGGTGC CCCAGGCCCT TGTCGCACTC CTCACAGAAC CTGGCCCTAGT GGGAGCCTGT480
CCTGGTTCTG GAGGCACATC CTAACGCAAG TTTGACCATG TATGTTTGCA CCCCTTTCC540
CCNAACCCTG ACCTTCCCCT GGGCCTTTTC CAGGATTCCN ACCNGGCAGA TCAGTTTAG600
35 TGANACANAT CCGCNTGCAG ATGGCCCCCTC CAACCNNTTN TGTTGNTGTT TCCATGGCCC660
AGCATTTCAC ACCCTTAACC CTGTGTTCAAG GCACTTNTTC CCCCAGGAAG CCTTCCCTGC720
CCACCCCAT TATGAATTGA GCCAGGTTTG GTCCGTGGTG TCCCCCGCAC CCAGCAGGG780
ACAGGCAATC AGGAGGGCCC AGTAAAGGCT GAGATGAAGT GGACTGAGTA GAACTGGAGG840
40 ACAAGAGTTG ACGTGAGTTC CTGGGAGTTT CCAGAGATGG GGCTGGAGG CCTGGAGGAA900
GGGGCCAGGC CTCACATTTG TGGGGNTCCC GAATGGCAGC CTGAGCACAG CGTAGGCCCT960
TAATAAACAC CTGTTGGATA AGCCAAAAAA 990

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

45 (A) LÄNGE: 187 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 109:

5 KLNHVLELKA KGKKSSPVLN GTARVQEWKE HSLQEASAHH SSVIKPLSQS GMEEGAPLPA 60
SGPDLWAWLI PALESEGMTG TFTSAGLKSLL SSSEAGSLLL GEVLRNLWKG KNYARPQCIP120
RMRTMAAAAD NSGSNTKTDD KGQCPAKEST LLLLRLVFTH GKDLLQYFLD IFIHLALHSI180
QKMHSVN 187

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

(A) LÄNGE: 148 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
15 (C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 110:

25 KEKENIQTLL KSKEQEVNEL LQKFQQAQEE LAEMKRYSES SSKLEEDKDK KINEMSKEVT 60
30 KLKEALNSLS QLSYSTSSSK RQSQQLEALQ QQVKQLQNQL AECKKQHQEV ISVYRMHLLY120
AVQGQMDEDV QKVLKQILTM CKNQSQKK 148

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

35 (A) LÄNGE: 298 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 111:

50 QAQGQLRHGF LRPMPPEPRGL ESGKTGSARG VAAGRHQEGE RPREGGPGTL RSKEAAGARP 60
AGAGPTRLHCG PGSGAERAHS GLGDAVCPHR SAPGAGLADS TASRGVKGMG RDQTRRGGRG120
GVNELSGGRM VQAGVRSAGG GEREALASRA RGQGGPRGR RSRDRCLSVR AGDEARSPAG180
VDVPTSCRRQ DARSGGRDKQ DMTWSGVTAR TEEARPAFLN TLGWWGCGKK RVCFTSSTE240

SAHYGCPLGS QNPQHERNGA TQLKPGPLNP DTKPSSLEMN MLHFTTTALP DSGIGSGR 298

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

5 (A) LÄNGE: 159 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 112:

VPPLGCYPSP GFKQGHGKGT QDRGVPSCHL THRNSFSSRH RGSSGTAFSG LCRSLEGWRA 60
GRQAVLGELQ QDVTRRANGH GRGAPGHCAA RRLQGLGLRA PVPRTAAQG LVRRGPTVDL120
VTLYALTAQP LGLAWQTVQH PGESRAWGET RLGEAGGAE 159

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

30 (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 113:

FWLIQQVFIK GLRCAQAAIR XPHKCEAWPL PPGLQAPSLE TPRNSRQLLS SSSTQSTSSQ 60
PLLGPPDCLS PAGCGHHGP NLAQFINGVG REGFLGEXVP EHRVKGGKCW AMETXTXXVG120
45 GAICRXRCXT KTDLPGXNPG KGPWEGQGXG KRGANIHGQT CVRMCLRQD RLPLGQVL 178

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

50 (A) LÄNGE: 174 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 114:

HRLVQRQRGP CPAAGCRHPC AAPCTRPAAL GTRPAIGSGG PRCSPHWVWC PRPLCHSSQN 60
LAQWEPVLVP EAHPNASLTM YVCTPFPXTL TFPWAFSRIP TXQISFSXTX PXADGPSNXX120
CXCFHGPAGS TLNPVFRHXF PQEAFPAHPI YELSQVWSVV SPAPSRGQAI RRAQ 174

15

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - 5 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No 2, 3, 5-9, 11, 12, 16, 18, 20, 26, 36, 45, 107, 108.
 - 10 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
oder
 - 15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 2-50, 107, 20 108, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 2-50, 107, 25 108, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Blasentumorgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomal Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 2-50, 107, 30 108, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch 35 gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch 40 gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 45 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch 50 gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bp aufweist.

9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.

5

10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.

10

11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.

15

12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.

20

13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

25

14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.

30

15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.

35

16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.

40

17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.

45

18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem *E. coli* und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

50

19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.

20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 2-50, 107, 108 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.

5

21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

10

22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.

15

23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No 51-106, 109-114.

20

24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

25

25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23 binden kann.

30

26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

35

27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 51-106, 109-114, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasentumor.

40

28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 2-50, 107, 108 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasentumor verwendet werden können.

45

29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-50, 107, 108 in sense oder antisense Form.

30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 51-106, 109-114 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Blasentumors.

45

31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 51-106, 109-114, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Blasentumor.

50

32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 51-106, 109-114.

5 33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.

10 34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.

15 35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 2-50, 107, 108.

20 36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.

25 37. Verwendung gemäß Anspruch 36, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.

30 38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

1/10
Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

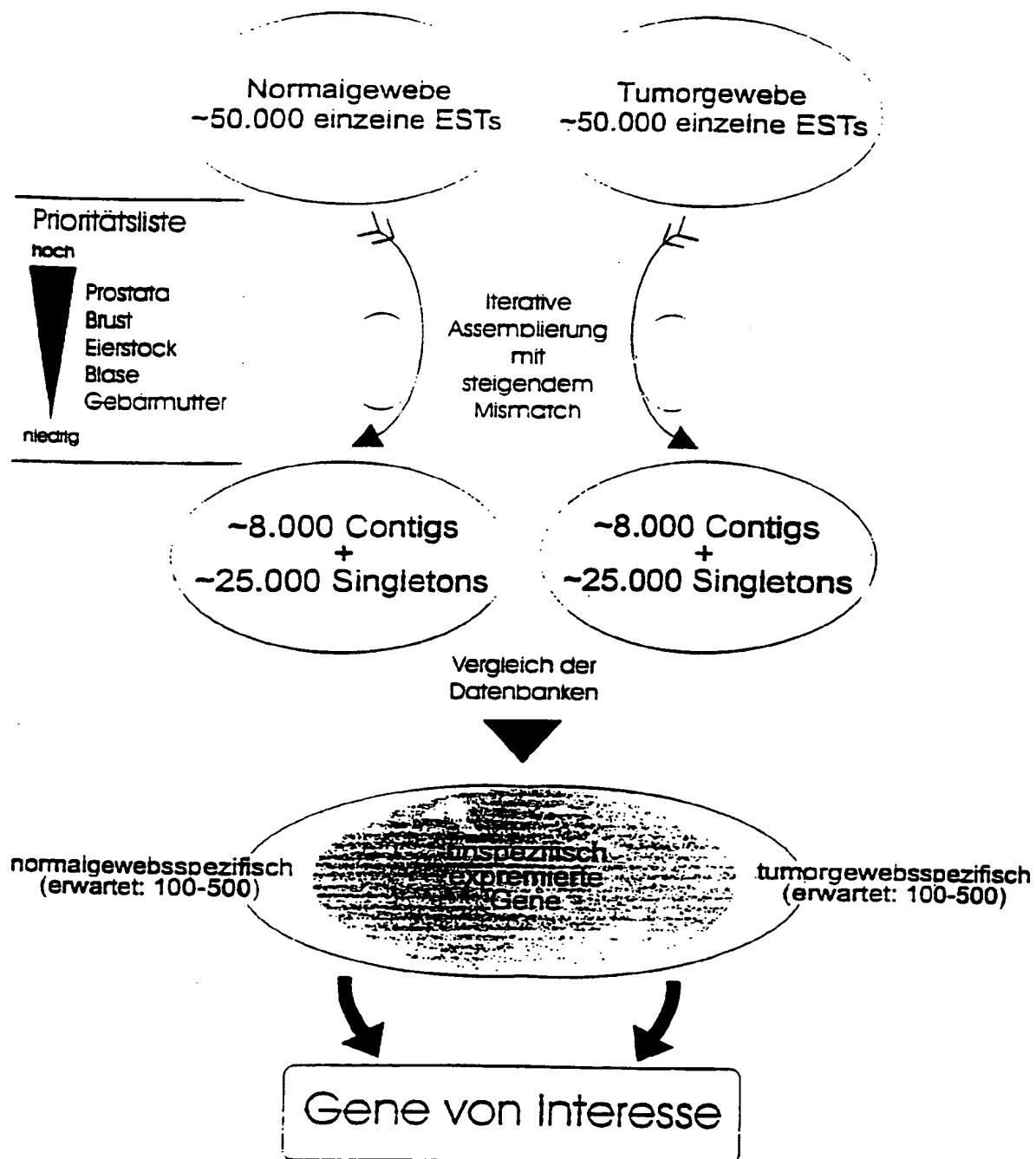


Fig. 1

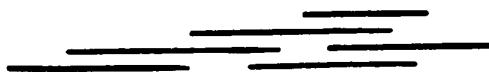
2/10
Prinzip der EST-Assemblierung

~50.000 ESTs pro Gewebe



Assemblierung bei 0% Mismatch
mit GAP4 (Staden)

Contigs



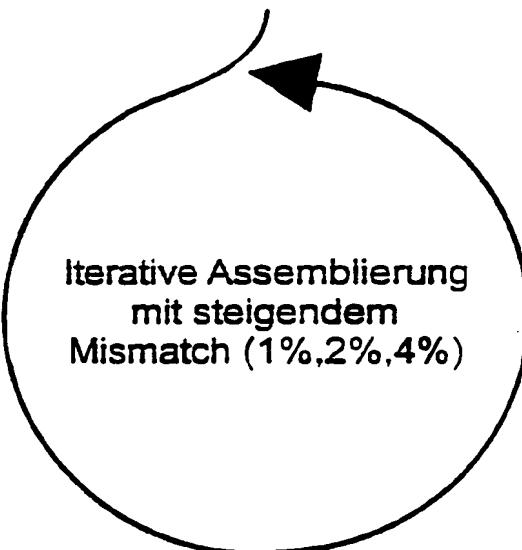
Singlets



In Anzahl und Länge
zunehmende Contigs



Iterative Assemblierung
mit steigendem
Mismatch (1%, 2%, 4%)



5000-6000 Contigs ~25.000 übrige Singlets



~30.000 Konsensus-
sequenzen pro Gewebe

Fig. 2a

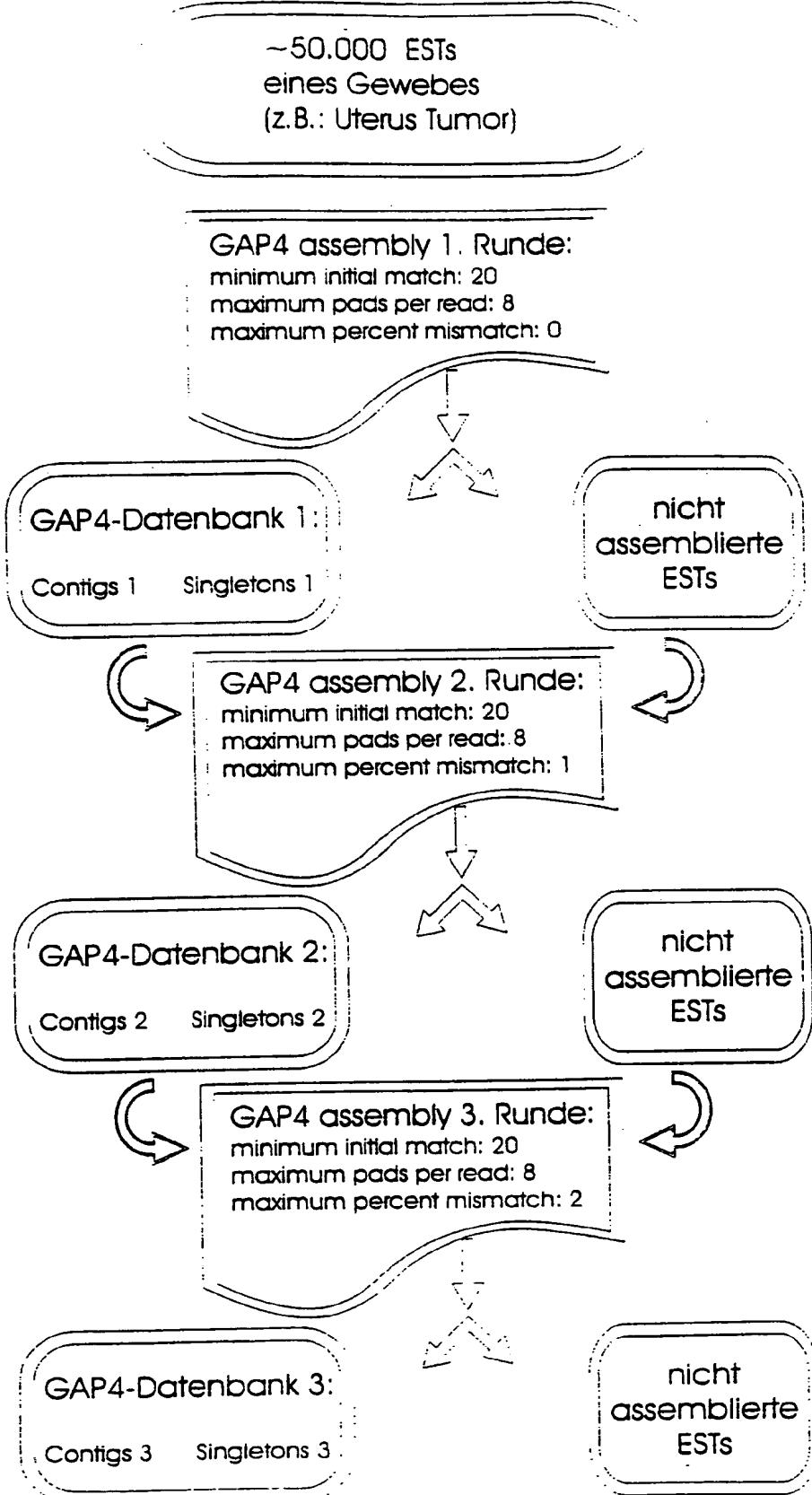


Fig. 2b1

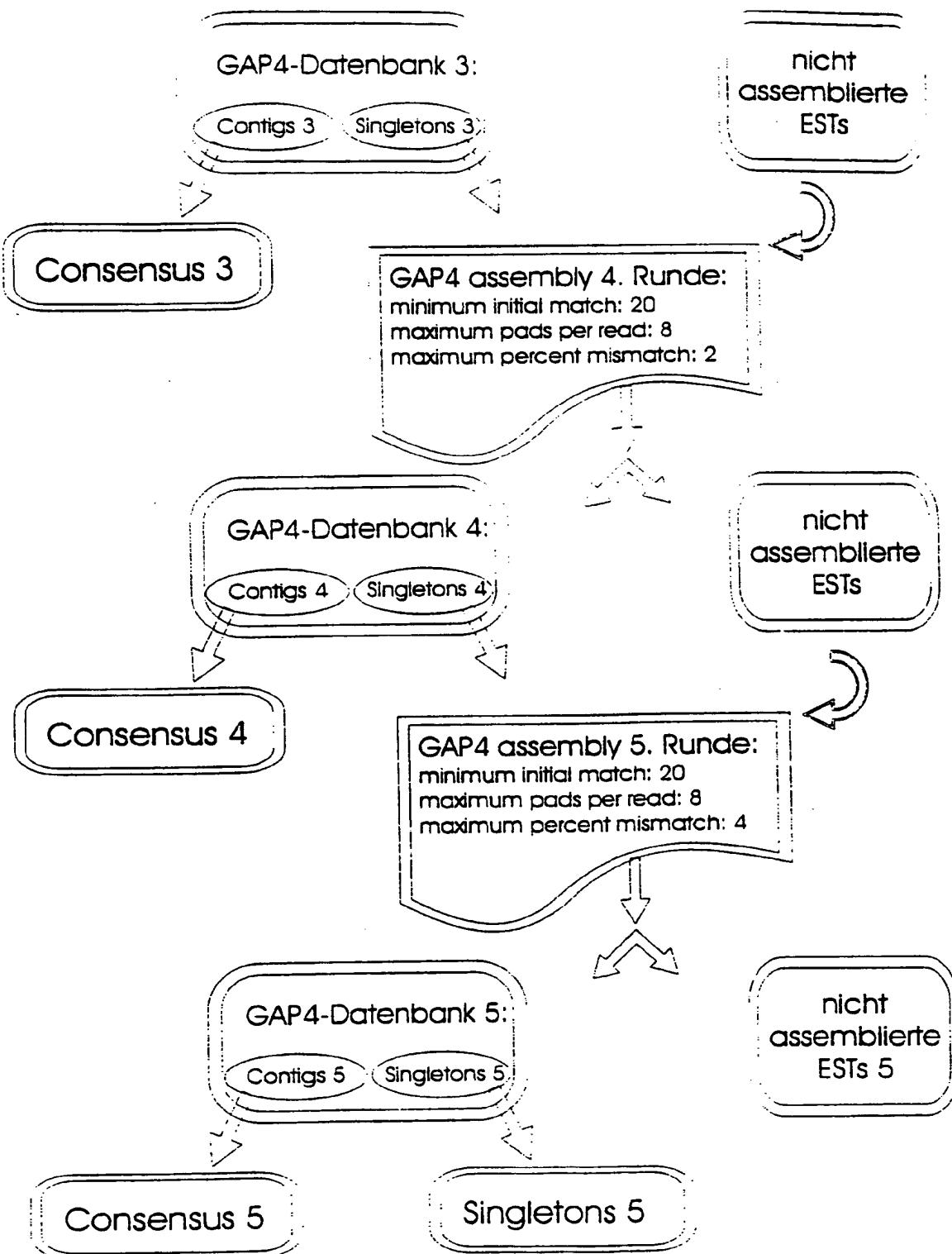


Fig. 2b2

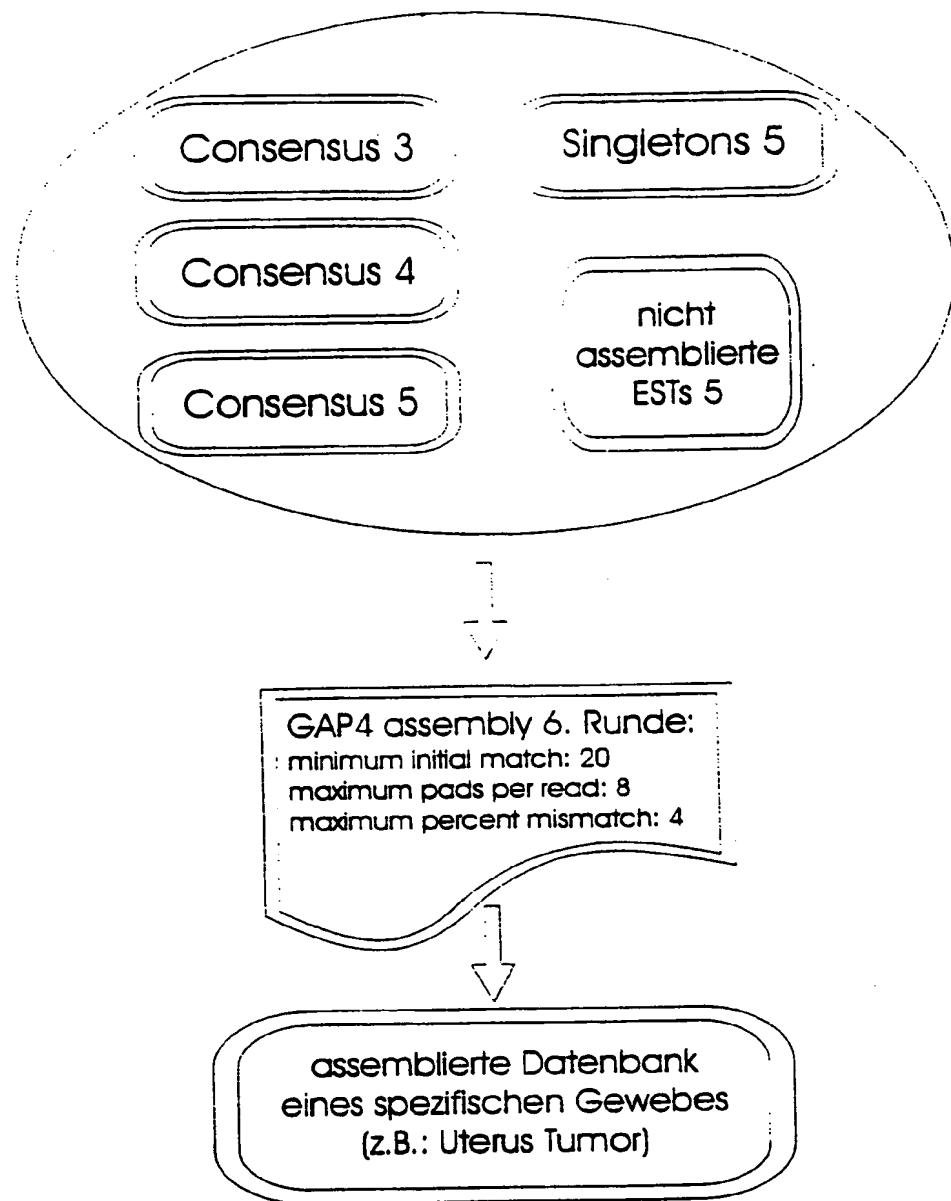


Fig. 2b3

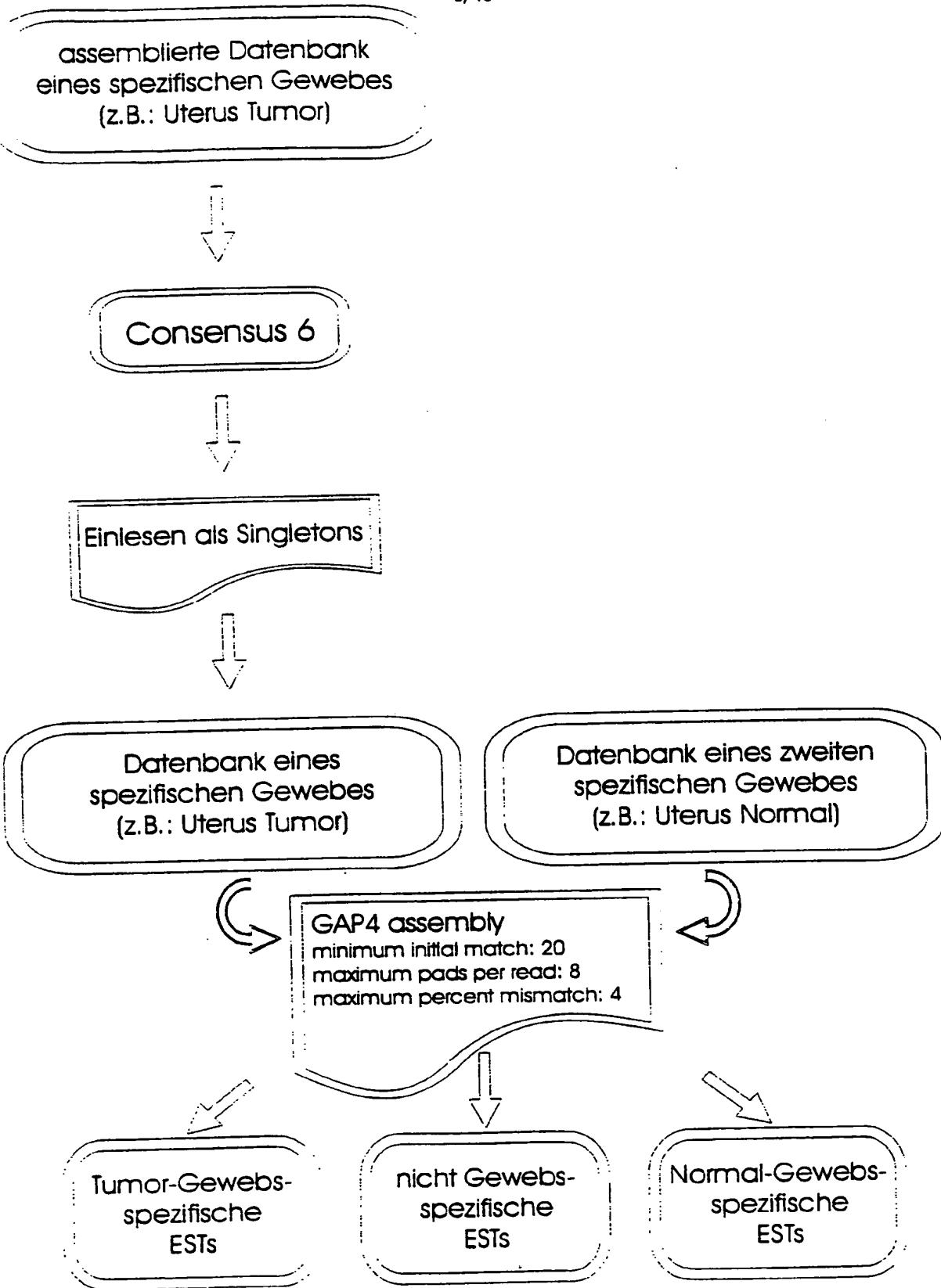
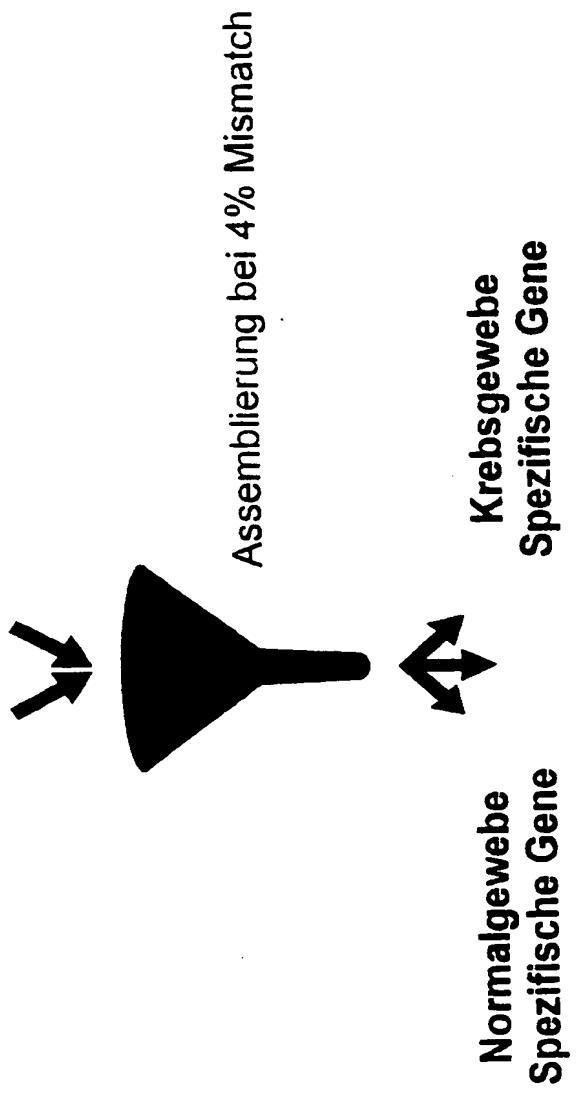


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

**~30.000 Konsensussequenzen
Normalgewebe**

**~30.000 Konsensussequenzen
Krebsgewebe**



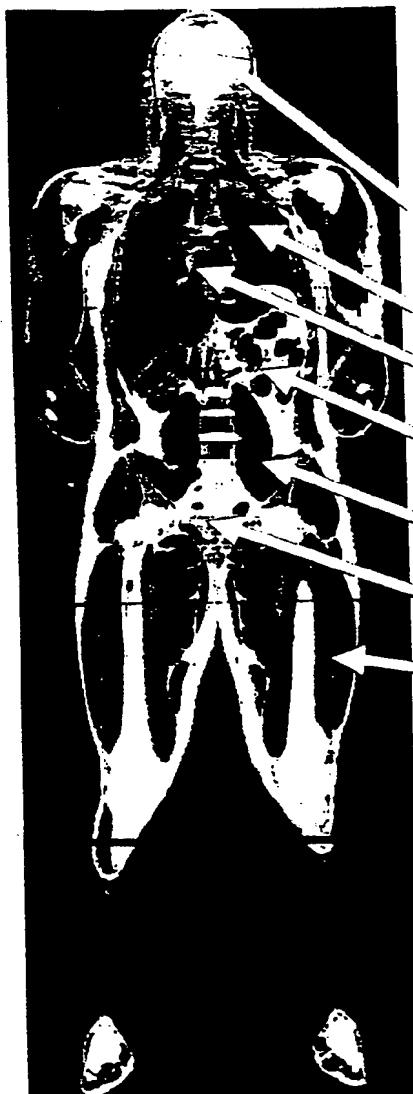
**In beiden Geweben
exprimierte Gene**

**Normalgewebe
Spezifische Gene**

**Krebsgewebe
Spezifische Gene**

metagen

Fig. 3



Gene von Interesse

Bestimmung der
gewebsspezifischen
Expression über
elektronischen Northern
(INCYTE LifeSeq und
öffentliche EST
Datenbanken)

Kandidatengene für
Tumorsuppressoren oder
Tumoraktivatoren

Fig. 4a

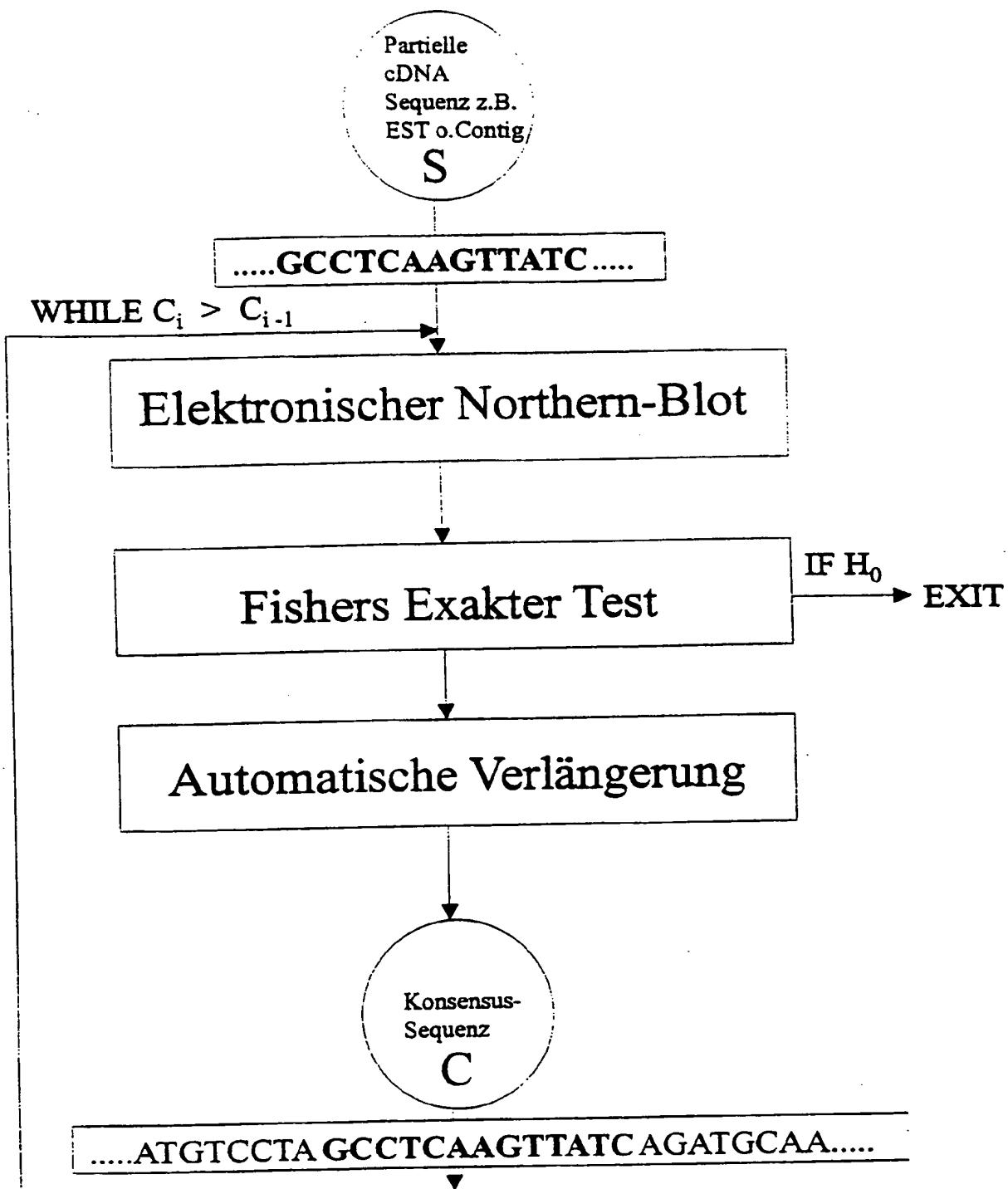


Fig. 4b

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen

Chromosomal Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomal Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5

**This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning
Operations and is not part of the Official Record**

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

- BLACK BORDERS**
- IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES**
- FADED TEXT OR DRAWING**
- BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING**
- SKEWED/SLANTED IMAGES**
- COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS**
- GRAY SCALE DOCUMENTS**
- LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT**
- REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY**
- OTHER:** _____

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.